

دانشگاه تهران

## مشخصات کلی، برنامه درسی و سرفصل دروس

دوره: دکتری

رشته: بیوانفورماتیک

مرکز تحقیقات بیوشیمی - بیوفیزیک

مصوب جلسه مورخ ۸۱/۱۲/۱۳ شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه

این برنامه بر اساس آئین نامه وزارتی تفویض اختیارات برنامه ریزی درسی به دانشگاههای دارای هیات ممیزه، توسط اعضای هیات علمی گروه بیوانفورماتیک مرکز تحقیقات بیوشیمی- بیوفیزیک تدوین شده و درشصت و یکمین جلسه شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه مورخ ۸۱/۱۲/۱۳ به تصویب رسیده است.



مصوبه شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه تهران در خصوص برنامه درسی

رشته : بیوانفورماتیک

مقطع : دکتری

برنامه درسی دوره دکتری رشته بیوانفورماتیک که توسط اعضای هیات علمی بیوانفورماتیک مرکز تحقیقات بیوشیمی - بیوفیزیک تدوین 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 آموزشی دانشگاه برسد.

رای صادره جلسه مورخ ۸۱/۱۲/۱۳ شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه در مورد تدوین برنامه درسی رشته بیوانفورماتیک در دوره دکتری صحیح است، به واحد ذیربط ابلاغ شود.

رضایی

دکتر رضا فرجی دانا

رئیس دانشگاه

دکتر سید حسین حسینی

معاون آموزشی و تحصیلات تکمیلی دانشگاه

دکتر علی افشار بگشلو

دبیر شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه



## فهرست مطالب

۲	فهرست مطالب
۳	پیشگفتار
۴	فصل اول: مشخصات کلی برنامه
۴	۱-۲ تعریف
۴	۱-۳ هدف
۴	۱-۴ ضرورت و اهمیت
۴	۱-۵ طول دوره و شکل نظام
۵	۱-۶ تعداد و نوع واحد
۵	۱-۷ نقش و توانائی فارغ‌التمصیلان
۵	۱-۸ شرایط و ضوابط ورود به رشته
۶	۱-۹ مواد و ضرایب امتحانی
۷	فصل دوم: جداول دروس
۷	۲-۱. دروس میرانی
۸	۲-۲ دروس الزامی
۸	۲-۳ دروس اختیاری
۱۰	فصل سوم: شناسنامه و سرفصل دروس
۱۰	۳-۱ مشخصات دروس الزامی
۱۵	۳-۲ سرفصل های دروس اختیاری
۲۷	فصل چهارم: منابع پیشنهادی



## پیشگفتار

برنامه دکتری بیوانفورماتیک نتیجه بحث و تبادل نظر تعدادی از اساتید علاقمند به رشته بیوانفورماتیک است. بیوانفورماتیک شاخه کاملاً جدیدی در دنیای دانش بشر است. شاید حدود چند سال از تأسیس اولین دوره های بیوانفورماتیک در دانشگاه های آمریکا و اروپا نمی گذرد. لذا برنامه مدون و فراگیری مانند دوره های فیزیک و شیمی و یا زیست شناسی برای آن وجود ندارد. بیوانفورماتیک یک برنامه میان رشته ای است که مابین رشته های زیست شناسی مولکولی، علوم کامپیوتر، آمار و احتمالات، و نظریه اطلاعات ایجاد شده است. دانشگاه هائی که در کشورهای پیشرفته مبادرت به تأسیس چنین دوره ای نموده اند در دو سطح کارشناسی ارشد و یا دکتری برنامه های خود را ارائه داده اند. در برنامه های کارشناسی ارشد حجم بیشتری از برنامه به تدریس اختصاص دارد و سهم پژوهش کمتر است. در حالیکه در برنامه دکتری آموزش حجم کمتری داشته و پژوهش سهم عمده برنامه را بر عهده دارد. ارائه برنامه کارشناسی ارشد منوط به در اختیار داشتن تعداد کافی از اساتید با زمینه تخصصی مناسب و علاقمند به این موضوع بود که در عین داشتن برنامه های آموزشی و پژوهشی جاری خود فرصت کافی برای وارد شدن به یک موضوع جدید را نیز داشته باشند. فارغ التحصیلان کارشناسی ارشد این رشته نیز شاید به دشواری بتوانند در نظام آموزش عالی فعلی کشور جای خود را تعریف نمایند. اما فارغ التحصیلان مقطع دکتری، علاوه بر حضور در زمینه های کاربردی، می توانند بعنوان اعضاء هیأت علمی آینده مبادرت به تربیت نیروهای جوان دیگر در زمینه بیوانفورماتیک نمایند. بعلاوه ارائه برنامه دکتری احتیاج به تعداد کمتری از اساتید جهت تدریس داشته و در عین حال زمینه های پژوهشی فراوان موجود امکان انجام پایان نامه های مناسبی را می دهد که شاید حجم آن برای دوره های کارشناسی ارشد زیاد باشد. با توجه به نکات فوق و هم چنین مطالعه گسترده بر روی برنامه هائی که توسط سایر دانشگاه های پیشرفته جهان در بیوانفورماتیک ارائه شده است گروه حاضر ارائه برنامه دکتری را در اولویت دانست و مزایای آن را به ارائه برنامه کارشناسی ارشد مورد تأیید قرار داد. مطالعه در تاریخ علم نیز نشان می دهد که رشته های جدید علمی ابتدا با برنامه های دکتری شروع شده و سپس با فراگیر شدن موضوع، در سطح کارشناسی ارشد نیز گسترش پیدا نموده است. در نهایت پس از گذشت سال ها تدریس و تحقیق یک برنامه جدید به سطح کارشناسی نیز می توانند توسعه پیدا نماید. بدیهی است که هر برنامه جدید آموزشی از نقائص و اشکالات زیادی در شروع کار برخوردار خواهد بود. انشاءالله این نواقص در حین اجرای برنامه بر اساس نظرات و انتقادات همکاران محترم و دانشجویان عزیز برطرف خواهد گردید.



## فصل اول: مشخصات کلی برنامه

### ۱-۲ تصریف

بیوانفورماتیک شاخه ای جدیدی از دانش بشری است که در آن علوم زیست ملکولی، علوم کامپیوتر، علوم آمار و احتمالات، و علوم اطلاعات در هم ترکیب شده و روش ها و ابزار نوینی را برای درک و کشف اطلاعات نهفته در دنیای موجودات زنده فراهم می آورند. برنامه دکتری بیوانفورماتیک یک برنامه آموزشی و پژوهشی میان رشته ای است که در طی آن دانشجو با گذراندن تعدادی واحد درسی، ارائه سمینارها، و انجام یک پژوهش و ارائه یک رساله با اصول و روش های بیوانفورماتیک آشنا گشته و آمادگی لازم جهت تحقیق و تدریس در این رشته را پیدا می نماید.

### ۱-۳ هدف

هدف از تاسیس دوره دکتری بیوانفورماتیک تربیت متخصصینی است که دارای آموزش های لازم در زمینه های علوم زیستی، علوم کامپیوتر، آمار و احتمالات، ریاضیات، و علوم اطلاعات باشند. این افراد باید با بکار گیری مهارت های کسب شده بتوانند در کشف پدیده های ملکولی مؤثر در حالات بیماری و سلامت، کشف ژن های جدید و پروتئین های جدید، طراحی و کشف داروهای جدید، تعیین روابط تکاملی مابین موجودات زنده، تعیین ساختارهای ژنومیک، ترنسکرپتومیک، پروتئومیک، و بسیاری از پدیده های دیگر خدمات ارزنده ای به جامعه بشری به طور کلی و به جامعه علمی کشور به طور خاص انجام دهند.

### ۱-۴ ضرورت و اهمیت

اندکی پس از تکمیل مرحله نخست پروژه عظیم و بین المللی تعیین ژنوم انسانی مشخص گردید که اطلاعات خام حاصل شده از این پروژه به خودی خود قابل درک و استفاده مستقیم نمی باشد. لذا وجود افرادی که دارای دانش لازم در جهت تجزیه و تحلیل توالی ها و کشف اطلاعات نهفته در آنها باشد ضرورت خود را در سطح جامعه علمی بین المللی نشان داد. در زمان تدوین این برنامه حدود چندین میلیون توالی اسیدهای نوکلئیک تعیین و در پایگاه داده های مربوط ذخیره گشته است. در همین زمان فقط در حدود چند صد هزار توالی پروتئینی تعیین و در پایگاه داده های مربوط ذخیره گشته است. هم چنین در حال حاضر فقط در حدود بیست هزار پروتئین توسط روش های تجربی تعیین ساختمان گشته و اطلاعات آن در دسترس است. وجود چنین حلاء عظیمی در سطوح اطلاعاتی دانش بشر از ملکول های زیستی ضرورت و اهمیت استفاده از بیوانفورماتیک را در پر نمودن این حلاء بیش از هر زمان نشان می دهد.

### ۱-۵ طول دوره و شکل نظام

طول دوره دکتری بیوانفورماتیک حداقل ۳ سال و حد اکثر ۶ سال می باشد. شکل نظام به این صورت است که ابتدا دانشجو بر اساس آزمون های ورودی به دوره پذیرفته می شود. سپس با گذراندن دروس جبرانی آماده شرکت در دروس اصلی برنامه می گردد. دروس اصلی از دو بخش دروس الزامی و اختیاری تشکیل یافته است. پس از با موفقیت گذراندن برنامه های درسی و امتحان جامع، دانشجو وارد مرحله پژوهش می گردد. در طی مرحله پژوهش، دانشجو تحت نظارت اساتید راهنما و مشاور یک پروژه تحقیقاتی را انجام می دهد. دوره پس از تدوین یک پایان نامه و دفاع دانشجو از تحقیق انجام شده خاتمه می یابد.



#### ۶-۱ تعداد و نوع واحد

تعداد و نوع واحدها در جدول زیر نشان داده شده است. جزئیات و توضیحات مربوط به هر گروه از واحدها در فصول بعد توضیح داده شده است.

ردیف	نوع واحدها	تعداد
۱	دروس جبرانی برای دانشجویانی که با زمینه علوم کامپیوتر ریاضی وارد دوره می‌گردند	۱۳
۲	دروس جبرانی برای دانشجویانی که با زمینه علوم زیستی وارد دوره می‌گردند	۱۳
۳	دروس الزامی (شامل ۲ واحد سمینار)	۱۴
۴	دروس اختیاری	۸
۵	پایان نامه	۲۴
	جمع واحدهای الزامی و اختیاری و پایان نامه	۴۶

#### ۷-۱ نقش و توانایی فارغ‌التحصیلان

فارغ‌التحصیلان این دوره دارای توانایی بکارگیری علوم کامپیوتر، 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 از جایگاه ویژه‌ای در آینده 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 خواهد گردید. فارغ‌التحصیلان این رشته اساتید مناسب و لازم برای آموزش نسل جدیدی از متخصصین این رشته در سطوح مختلف برای کشور خواهند بود.

#### ۸-۱ شرایط و ضوابط ورود به رشته

- شرایط ورود به دوره دکتری بیوانفورماتیک عبارت است از:
- ۱- داشتن مدرک کارشناسی ارشد در یکی از رشته‌های زیر



جدول ۲-۱- طبقه بندی و فهرست رشته هائی که می توانند در آزمون ورودی شرکت نمایند

ردیف	رشته های قابل قبول در زمینه های علوم زیستی	ردیف	رشته های قابل قبول در زمینه های غیر علوم زیستی
۱	رشته های علوم زیستی شامل: بیوفیزیک، بیوشیمی، ژنتیک، زیست شناسی مولولی ملکولی، میکروبیولوژی و بیوتکنولوژی	۱	رشته های علوم پایه شامل: ریاضی محض و ریاضی کاربردی، کامپیوتر، فیزیک، شیمی، آمار و آمار حیاتی
۲	رشته های علوم پزشکی شامل: پزشکی، داروسازی، دامپزشکی	۲	رشته های مهندسی شامل: مهندسی کامپیوتر، انفورماتیک
۳	رشته های علوم کشاورزی شامل: بیوتکنولوژی کشاورزی، اصلاح نباتات و اصلاح دام.	۳	

- ۲- داشتن صلاحیت های عمومی جهت شرکت در دوره های آموزش عالی.  
 ۳- با موفقیت گذراندن امتحان ورودی زبان خارجی با کسب حداقل ۱۴ از ۲۰ در امتحان ورودی زبان دانشگاه تهران. در صورت برگزار نشدن این امتحان کسب نمره حداقل ۷۰ درصد در امتحان MCHE و یا معادل آن.

### ۹-۱ مواد و ضرایب امتحانی

امتحان ورودی شامل دو بخش لازمی و اختیاری است. دروس لازمی باید توسط تمام داوطلبان شرکت در امتحان ورودی انتخاب و به سؤالات آن پاسخ داده شود. دروس اختیاری در دو گروه طبقه بندی گردیده است. هر داوطلب موظف به انتخاب یکی از این دو گروه اختیاری و پاسخ به سؤالات آن است.

جدول ۳-۱- مواد لازمی دروس امتحان ورودی

۱	مبانی کامپیوتر
۲	زیست شناسی ملکولی
۳	آمار و احتمال

یک گروه از دروس اختیاری مربوط به علوم زیستی است و گروه دیگر از دروس اختیاری مربوط به گروه کامپیوتر و ریاضی است. ضرایب مواد امتحانی برای هر گروه برابر با یک است. فهرست این دروس در جدول زیر داده شده است.

جدول ۴-۱- مواد انتخابی آزمون ورودی

گروه ریاضی و کامپیوتر	گروه علوم زیستی
۱ ریاضی عمومی	۱ بیوشیمی
۲ ساختمان گسسته	۲ بیوفیزیک
۳ ساختمان داده و الگوریتم	۳ ژنتیک و تکامل



## فصل دوم: جداول دروس

جداول دروس در سه بخش شامل جداول دروس جبرانی، جدول دروس الزامی و جدول دروس اختیاری تشکیل شده است. هر یک از این سه بخش به صورت جداگانه توضیح داده می شوند.

### ۲-۱. دروس جبرانی

دروس جبرانی بر حسب رشته ورودی دانشجوی تعیین گشته است. هدف از ارائه دروس جبرانی برطرف نمودن کمبود های درسی برای گذراندن دوره دکتری با موفقیت می باشد. حداکثر واحد های در نظر گرفته شده جبرانی ۱۳ واحد می باشد که می تواند در طی یک نیم سال ارائه و گذرانده شود.

الف) دروس جبرانی برای دانشجویان با سابقه تحصیلی در رشته های غیر علوم زیستی  
تعداد ۵ درس با حجم کل ۱۳ واحد برای این دانشجویان در نظر گرفته شده است. فهرست و مشخصات دروس در جدول زیر آمده است.

ردیف	نام درس	تعداد واحد
۱	زیست شناسی سلولی و ملکولی	۲
۲	ساختمان ماکروملکول ها	۲
۳	ژنتیک و تکامل	۲
۴	برنامه نویسی شیء گرا و پایگاه داده (پرل و پیتون)	۲
۵	آمار و احتمال	۳
جمع		۱۳

ب) دروس جبرانی برای دانشجویان با سابقه تحصیلی در رشته های علوم زیستی  
تعداد ۵ درس به ارزش ۱۳ واحد برای این دانشجویان در نظر گرفته شده است. فهرست و مشخصات ای دروس در جدول ۲-۲ آمده است.





جدول ۲-۲ فهرست دروس جبرانی برای دانشجویان علوم زیستی

ردیف	نام درس	تعداد واحد
۱	ساختمان داده و الگوریتم	۳
۲	برنامه نویسی به زبان پیشرفته	۳
۳	برنامه نویسی شنی گرا و پایگاه داده (پرل و پیتون)	۲
۴	آمار و احتمال	۳
۵	ریاضیات گسسته	۲
جمع		۱۳

### ۲-۲ دروس الزامی

تعداد واحدهای دروس الزامی ۱۲ واحد است. فهرست دروس الزامی و پیش نیاز هرکدام در جدول شماره ۲-۳ ذکر شده است.

جدول شماره ۲-۳ فهرست دروس الزامی

ردیف	نام درس	تعداد واحد	درس پیشنیاز
۱	بیوانفورماتیک	۳	دروس جداول ۱ و ۲
۲	آنالیز توالی پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک	۲	بیوانفورماتیک
۳	داده پایگاه های بیولوژیکی	۲	#
۴	مدلسازی و پیشگویی ساختمان ماکرومولکول ها	۳	#
۵	ژنومیک محاسباتی	۲	شماره های ۲ و ۳
جمع		۱۲	

### ۲-۳ دروس اختیاری

فهرست دروس اختیاری پیشنهادی در جدول شماره ۲-۴ آمده است. بدیهی است این فهرست بعد از شروع برنامه بر حسب پیشنهادات مختلف می تواند تکمیل شود.



جدول شماره ۲-۴ فهرست برخی از دروس اختیاری

ردیف	نام درس	تعداد واحد	پیشنیاز درس
۱	نظریه الگوریتم	۳	
۲	DNA Computing	۳	
۳	الگوریتم های ژنتیک	۳	
۴	نظریه اطلاعات و کد گذاری	۳	
۵	ریاضیات گسسته پیشرفته	۲	
۶	مدلهای تصادفی گسسته	۲	
۷	آمار بیزی	۲	
۸	مباحث پیشرفته در بیوشیمی پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک	۲	
۹	زیست شناسی ملکولی محاسباتی	۲	
۱۰	مباحثی در ساختار پروتئین ها	۲	
۱۱	مباحثی زیست شناسی ملکولی پیشرفته	۲	



## فصل سوم: شناسنامه و سرفصل دروس

### ۳-۱- مشخصات دروس الزامی

نام درس: بیوانفورماتیک

تعداد واحد: ۳ (۲ واحد نظری و ۱ واحد عملی)

درس پیش نیاز: دروس جداول ۱ و یا ۲

- 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- پیشگونی ساختمان نوّم ملکول RNA.
- ۸- پیشگونی های فیلوژنتیک.
- ۹- جستجوی پایگاه داده ها برای یافتن توالی های مشابه.
- ۱۰- پیشگونی ژن ها.
- ۱۱- طبقه بندی و پیشگونی ساختمان پروتئین ها.
- ۱۲- آنالیز ژن ها.
- ۱۳- پروتئومیک.



نام درس: آنالیز توالی پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک

تعداد واحد: ۲ واحد

درس پیش نیاز: بیوانفورماتیک

---

- ۱- مقدمه و تاریخچه.
- ۲- مروری بر روش های آماری و احتمالاتی لازم برای انطباق توالی ها.
- ۳- انطباق دو توالی با یکدیگر.
- ۴- الگوریتم های مناسب برای انطباق دو توالی.
- ۵- زنجیر های مارکوف و مدل های پنهان مارکوف (HMM).
- ۶- انطباق دو توالی بر اساس HMM.
- ۷- روش های انطباق چندگانه توالی ها.
- ۸- روش های ساخت درخت های فیلوژنتیک.
- ۹- نگرش های احتمالاتی به مسئله فیلوژنی.
- ۱۰- سایر نگرش ها به مسئله انطباق توالی ها.



نام درس: داده پایگاههای بیولوژیک

تعداد واحد: ۳ واحد

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

- ۱- مقدمه
- ۲- داده مدل و داده پایگاه
- ۳- داده مدل - آشنائی با CORBA
- ۴- داده مدل - آشنائی با XML
- ۵- داده مدل - داده های استاندارد بیولوژیک
- ۶- شرح نویسی و اصلاحات
- ۷- شاخص گذاری داده ها (Data Indexing)
- ۸- داده پایگاه های رابطه ای - کلیات
- ۹- داده پایگاه های رابطه ای - SQL
- ۱۰- داده پایگاه های شیء گرا



نام درس: مدل‌سازی و پیشگویی ساختمان ماکروملکول‌ها

تعداد واحد: ۳ واحد

درس پیش نیاز: درس‌های جدول‌های ۱ یا ۲ و درس بیوانفورماتیک

---

- ۱- مروری بر ساختمان ماکروملکول‌ها (Review of macromolecular structures and terminology).
- ۲- طبقه‌بندی فولد‌های پروتئینی و پایگاه داده‌های اطلاعاتی مربوط. (Protein folds classification and related databases).
- ۳- نمایش ساختمان‌های ملکولی (molecular visualization).
- ۴- آنالیز توالی‌ها بیولوژیک (Biological sequences analysis).
- ۵- انطباق ساختمان‌های پروتئین و توالی با ساختمان (Alignment of protein structure and sequence to structure).
- ۶- پیشگویی ساختمان دوم (Secondary structure prediction).
- ۷- مدل‌سازی مقایسه‌ای ساختمان پروتئین (Comparative protein structure modeling).
- ۸- میدان‌های نیرو و مینیمم کردن (Force fields and minimization).
- ۹- تشخیص فولد (Fold recognition).
- ۱۰- فولدینگ معکوس (Reverse folding).
- ۱۱- مدل‌سازی ابتدا به ساکن (ab initio modeling).
- ۱۲- داکینگ (Docking).
- ۱۳- پیشگویی ساختمان دوم RNA.



نام درس: ژنومیک محاسباتی

تعداد واحد: ۲ واحد

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

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



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

تعداد واحد: ۳ واحد

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

۱- طراحی الگوریتم.

۲- روش های محاسبه پیچیده الگوریتمی.

۳- تکنیک های مختلف حل مسائل

a. Divide and Conquer

b. Dynamic Programming

c. Greedy

d. Backtrack

e. Branch and Bound

و شناخت آن ها به کمک الگوریتم های مختلف.

۴- مسائل NP, P, NP-hard, و NP-complete.

۵- شناخت چند مسئله وابسته به NP از قبیل دورهای 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.





## نام درس: DNA Computing

تعداد واحد: ۳ واحد

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

- ۱- محاسبات ملکولی.
- ۲- مقدمه بر محاسبات ملکولی.
- ۳- مبانی زیست ملکولی.
- ۴- عملیات مجاز ملکولی.
- ۵- آزمایش آبلمن.
- ۶- الگوریتم های ملکولی برای حل مسئله های NP.
- ۷- الگوریتم های ملکولی مدارهای هامیلتونی و فروشنده دوره گرد.
- ۸- الگوریتم های ملکولی برای مسئله P کوتاه ترین مسیر.
- ۹- پتانسیل محاسباتی مدل های ملکولی.
- ۱۰- مدل سازی حافظه.
- ۱۱- الگوریتم های ملکولی برای عملگرهای منطقی و محاسباتی.
- ۱۲- مدل سازی اتوماتها.
- ۱۳- مدل سازی ماشین تورینگ.
- ۱۴- اجزاء الگوریتم های Dynamic Programming بر روی DNA رایانه ها.



نام درس: الگوریتم های ژنتیک ( Genetic Algorithms )

تعداد واحد: ۳ واحد

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

- ۱- بررسی الگوریتم های بهینه سازی ترکیبی.
- ۲- مقدمه ای برای الگوریتم های ژنتیک.
- ۳- الگوریتم های ژنتیک در تکامل طبیعی.
- ۴- شبیه سازی Tabu search Anealing .
- ۵- شبکه های عصبی مصنوعی.
- ۶- تکامل شبکه های عصبی ، پیاده سازی الگوریتم های ژنتیک.



نام درس: نظریه اطلاعات و کد گذاری

تعداد واحد: ۳ واحد

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

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



نام درس: ریاضیات گسته پیشرفته

تعداد واحد: ۲ واحد

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

- 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 متناهی.
- ۹- تشخیص الگو.
- ۱۰- زبانهای منظم و قضیه کین.
- ۱۱- ماشین های تورینگ.



نام درس: آمار و احتمال (درس جبرانی)

تعداد واحد: ۳ واحد

درس پیش نیاز: ندارد

- 
- ۱- توزیع تجربی و توزیع های احتمال
- a. تجزیه و تحلیل کاوشی داده ها.
  - b. مقایسه نموداری داده ها.
  - c. تابع چگالی و تابع جرم احتمال.
- ۲- مروری بر مفاهیم اصلی احتمال.
- a. پیشامدهای مستقل - قضیه بیز - تعریف پاسکال و تعریف کولموگروف از احتمال.
  - b. متغیرهای تصادفی گسسته و پیوسته - امید ریاضی - واریانس - مولد گشتاور.
  - c. دوره ای از توابع چگالی و توابع توزیع کلاسیک گسسته و پیوسته - توزیع های مخلوط و سانسور شده.
- ۳- توزیع های چند متغیره.
- a. توزیع دو متغیره تصادفی - کوواریانس - ضریب همبستگی - توزیع نرمال دو متغیره.
  - b. آماره های ترتیبی.
- ۴- توزیع های نمونه ای.
- a. متغیرهای تصادفی مستقل - قضیه حد مرکزی - توزیع  $F$  و توزیع  $t$  - نامساوی چبیشف و همگرایی در احتمال.
- ۵- تخمین و آزمون فرض.
- a. تخمین نقطه ای و فاصله ای (میانگین - واریانس - نسبت) - مقدمه ای بر رگرسیون.
  - b. آزمون فرض برای میانگین - واریانس و نسبت آزمون نکوشی برازش (آزمون مربع کای).
  - c. جداول توافقی - مقدمه ای بر آنالیز واریانس یک و دو راهه - مقدمه ای بر آزمون ویلکاکسون.
  - d. معرفی آزمون نکوشی برازش کولموگروف اسمیرنوف.



نام درس: مدل‌های تصادفی گسته

تعداد واحد: ۲ واحد

درس پیش نیاز: درس‌های جدول‌های ۱ یا ۲

---

- 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 اصابه - ماتریس‌های انتقال - وضعیتهای گذرا و بازگشتی - احتمال‌های جذب - مارتینگلها - 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 صف بندی.
- ۴- فرآیندهای جهشی مارکف: فرآیندهای زاد و مرگ - فرآیند‌های پواسن - خواص فرآیندهای جهش محض مارکف - فرآیندهای مرتبه دوم - فرآیندهای گوسی - فرآیندهای ویزی.



نام درس: آمار بیزی

تعداد واحد: ۲

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

- ۱- مقدمات.
- ۲- احتمال و قضیه بیز: مثال ها - متغیر های تصادفی - میانگین ها و واریانس ها.
- ۳- استنباط بیزی برای توزیع نرمال: چگالی پیشین نرمال و تابع درستنمایی - HDR یا ناحیه های با بزرگترین چگالی - واریانس توزیع نرمال - چگالی های مزدوج - توزیع نرمال با میانگین و واریانس نا شناخته - توزیع پیشین مزدوج برای توزیع نرمال.
- ۴- توزیع های دیگر آماری: دو جمله ای - توزیع پیشین مرجع برای تابع درستنمایی دو جمله ای - قانون جفری - توزیع یکنواخت.
- ۵- آزمون فرض ها: آزمون های یک طرفه - روش لیندلی - فرض های صفر نقطه ای با اطلاعات پیشین - فرض های صفر نقطه ای برای توزیع نرمال.



نام درس: مباحث پیشرفته در بیوشیمی پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک

تعداد واحد: ۲

درس پیش نیاز: دروس های جدول های ۱ یا ۲

- 
- ۱- مقدمه ای بر ساختار پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک.
  - ۲- تغییرات شیمیائی پروتئین‌ها در اثر اتصال مولکول‌های کوچک.
  - ۳- تغییرات شیمیائی از نوع Ubiquitination, Acylation, Glycosylation.
  - ۴- میانکنش پروتئین‌ها با اسیدهای نوکلئیک - پروتئین‌های تنظیمی و ساختمانی.
  - ۵- برخی از ساختارهای اسیدهای نوکلئیک مانند Tryplex, Hydration و غیره.
  - ۶- ارائه مطالب نو (بحث و بررسی) در مورد پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک بصورت خبری.





نام درس: زیست شناسی ملکولی محاسباتی

تعداد واحد: ۲

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

- ۱- مقدمه.
- ۲- تعیین توالی ژنوم.
- ۳- نقشه های فیزیکی ژنوم.
- ۴- نظریه گراف.
- ۵- تعیین توالی DNA.
- ۶- روش های مقایسه توالی ها.
- ۷- انطباق های دو گانه و چندگانه.
- ۸- اکتشاف ژن.



نام درس: مباحثی در ساختار پروتئین ها

تعداد واحد: ۲

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

---

۱- ساختمان کوالانت (ساختمان اول).

a. خصوصیات اسیدها آمینه و بندهای پپتیدی.

b. روش های تجربی تعیین ساختمان اول.

۲- ساختمان دوم.

a. عوامل مؤثر در شکل گیری ساختمان دوم.

b. روش های نظری تعریف ساختمان های دوم.

c. زیر مجموعه های ساختمان های دوم.

۳- ابر ساختمان های دوم.

a. تعاریف و انواع.

۴- ساختمان سوم.

a. موتیف های مختلف.

b. آنالیز بانک اطلاعات ساختمان پروتئین ها.

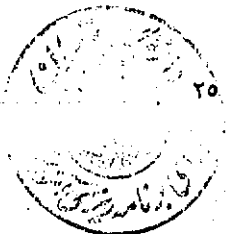
۵- روش های نظری برای برقراری ارتباط مابین توالی و ساختمان.

a. بانک های اطلاعاتی مربوط به توالی ها.

b. روش های مقایسه توالی ها.

c. پیش گوئی ساختمان دوم.

d. پیش گوئی و مدل سازی ساختمان سوم.



نام درس: مباحثی در زیست شناسی ملکولی پیشرفته

تعداد واحد: ۲

درس پیش نیاز: درس های جدول های ۱ یا ۲

- ۱- مقدمه.
- ۲- نقش توالی ها بازی DNA در تعیین محل نوکلئوزوم ها.
- ۳- ساختمان DNA سه رشته ای.
- ۴- پروتئین های آغاز کننده همانند سازی DNA.
- ۵- آنزیم های شرکت کننده در باز ترکیب همکن در مخمر.
- ۶- تنظیم همانند سازی DNA در یوکاریوتها و نحوه دخالت مهار کنند ها.
- ۷- DNA Fidelity
- ۸- رابطه ساختمان و عملکرد RNA پلی مرزها.
- ۹- کنترل پایان الگوبرداری توسط پروتئین های چسبنده به RNA.
- ۱۰- نقش پایداری mRNA.
- ۱۱- ارتباط بین تعمیم DNA و الگوبرداری.
- ۱۲- نحوه شناسائی RNA ها توسط پروتئین های چسبنده به RNA.
- ۱۳- متیلاسیون های خاموش کننده بیان ژن.
- ۱۴- مناطق هورمونی دخالت کننده در الگوبرداری.
- ۱۵- دقت در پروتئین سازی.
- ۱۶- نقش بخش stalk زیر واحد بزرگ ریبوزومی.
- ۱۷- نقش ریبوزوم در تشکیل پیوند پپتیدی.
- ۱۸- تنظیم پروتئین سازی در پستانداران.
- ۱۹- تنظیم پروتئین سازی توسط عامل IF $\epsilon$ E و نقش آن در تشخیص و شناسائی RNA و رشد طبیعی و سرطانی.
- ۲۰- رشد سلولی و سرطانی.
- ۲۱- ژن درمانی سرطان.



## فصل چهارم: منابع پیشنهادی

- ۱- Mount, D.W., Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York. ۲۰۰۱.
- ۲- Lesk, A.M., Introduction to Bioinformatics, Oxford, ۲۰۰۲.
- ۳- Baxevanis, A.D. and Ouellette, F.F.F., Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins, Wiley-Interscience, New York, ۲۰۰۱.
- ۴- Durbin, R., Eddy, S.R., Krogh, A., and Mitchison, G. Biological Sequence Analysis: Probabilistic models of protein and nucleic acids, Cambridge University Press. Cambridge ۱۹۹۸.
- ۵- Pevzner, P.A. Computational Molecular Biology: An Algorithmic Approach, The MIT Press, Massachusetts ۲۰۰۰.
- ۶- Waterman, M.S., Introduction to Computational Molecular Biology; Maps, Sequences, and genomes. Chapman & Hall, Cambridge ۱۹۹۵.
- ۷- Philip, E. Bourne, Lecture Notes, ۲۰۰۲.
- ۸- Stanley, L. Bioinformatics: Databases and Systems, Kluwer Academic Pub, ۱۹۹۹.
- ۹- Martin J. Bishop, Genetic Databases, Academic Press, San Diego, ۱۹۹۹.
- ۱۰- Webster, D.M., Protein structure prediction methods and protocols, Humana Press, ۲۰۰۰.
- ۱۱- Leach, A. R., Molecular modeling: Principles and applications, Pearson education, EMA, ۲۰۰۱.
- ۱۲- Paun, G., Rosenberg, G. and Saloma, A., DNA computing, Springer Verlag, ۱۹۹۸.
- ۱۳- Corman. Liserson and Reivest, Introduction to algorithms, Academic Press.
- ۱۴- Brassard, G. and Bratley, G., Algorithms: Theory and Practice, Prentice Hall, ۱۹۸۸.
- ۱۵- Goldberg, "Genetic Algorithms", in Search, Optimization and Machine Learning. Addison Wisley ۱۹۸۹.
- ۱۶- Mitchell, " An introduction to genetic algorithms", MIT Press ۱۹۹۸.
- ۱۷- Thomas M. Cover and Joy A. Thomas, "Elements of Information Theory", Wiley, New York, ۱۹۹۱.
- ۱۸- Philip, E. Bourne, Lecture Notes, ۲۰۰۲.
- ۱۹- Letovsky, Stanley, Bioinformatics.



- 20- Rosen, Kenneth H. , Discrete Mathematics and its Applications , McGraw Hill, 2001.  
 21- Cameron: "Combinatorics: topics, technics, algorithms", Cambridge University Press, 1994.  
 22- Hogg & Tanis, 2001. Probability and statistical Inference.  
 23- Hoel, Port, and Stone, 2000. Introduction to Probability Theory.  
 24- Pierr Bremoud, (1999) Markov Chains, Monte Carlo Simulations and Queues.  
 25- Karlin, S. and Taylor, M.H. (1975) A first course in Stochastic Process  
 26- Kendall's Advance theory of Statistics. (1994) Bayesian Inference, Vol.2B.  
 27- Lee, P. (1997) Bayesian Statistics.  
 28- Bourne, P. (2002) Lecture notes.  
 29- Stanley, L (1999) Bioinformatics: Databases and Systems. Kluwer Academic Pub.  
 30- Bishop, M.J. (1999) Genetic Databases. San Diego.

