



## دانشکده علوم ریاضی

مدلسازی و پیش‌گویی ساختار ماکرومولکول‌ها

کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک

نیمسال اول ۱۴۰۳

محبوبه ضرابی

گروه بیوتکنولوژی، دانشگاه الزهرا

دانشکده علوم زیستی، طبقه سوم، اتاق اساتید ۲

ایمیل: [mzarrabi@alzahra.ac.ir](mailto:mzarrabi@alzahra.ac.ir)

زمان برگزاری

شنبه ساعت ۱۰ تا ۱۲

یکشنبه ساعت ۱۳ تا ۱۴

### ارزشیابی

آزمون‌های کلاسی: ۲۰٪ - در طول ترم

آزمون پایانی: ۴۰٪ - مطابق برنامه امتحانات

تکالیف و فعالیت کلاسی: ۲۰٪

پروژه پایانی: ۲۰٪

هدف: مباحث این درس در جهت آشنایی دانشجویان با ساختار DNA , RNA, protein بوده و لزوم دسترسی به ساختار ماکرومولکولها و اهمیت آن بررسی خواهد شد. در این درس دانشجویان با پایگاههای داده ساختار دوم و سوم ماکرومولکولها و نرم افزارهای پیشگویی ساختار سوم آشنا خواهند شد.

### منابع اصلی:

- Molecular Cell Biology. Arnold Berk; Chris A. Kaiser; Harvey Lodish; Angelika Amon; Hidde Ploegh; Anthony Bretscher; Monty Krieger; Kelsey C. Martin. Publisher: Macmillan Learning, Year: 2016
- Structural Bioinformatics 2nd Edition, Kindle Edition
- by Jenny Gu ,Philip E. Bourne (2011)

شرح درس	هفته
معرفی درس و ارائه طرح درس، آشنایی با اساس ساختار پروتئین و اهمیت ساختار	اول
ساختار اسیدهای نوکلئیک و معرفی پایگاه داده توالی ماکرومولکولها	دوم
همترازی دوتایی توالی ژن و پروتئین و پایگاه داده uniprot	سوم
نرم افزارهای sequence alignment	چهارم
همترازی چندتایی و پیش بینی مناطق حفاظت شده در توالی ماکرومولکولها	پنجم
معرفی پایگاه داده ساختار دوم و سوم اسیدهای نوکلئیک	ششم
معرفی سرورها و نرم افزارهای پیش بینی ساختار دوم و سوم اسیدهای نوکلئیک	هفتم
فولدینگ پروتئین	هشتم
معرفی پایگاه داده ساختار دوم و سوم پروتئین	نهم
معرفی سرورها و نرم افزارهای پیش بینی ساختار دوم و سوم پروتئین	دهم
ارزیابی و بهینه سازی ساختار ماکرومولکولها	یازدهم
مقایسه ساختار ماکرومولکولها	دوازدهم
پیش بینی عملکرد پروتئین و پیشگویی میانکنش در ماکرومولکولها	سیزدهم
داکینگ مولکولی	چهاردهم
نرم افزارهای نمایش ساختار ماکرومولکولها و محاسبات برخی ویژگیها در آنها	پانزدهم
جمع بندی	شانزدهم