



کارگاه آموزشی  
اصول و مبانی بیوانفورماتیک و پروتئومیکس  
(تئوری و عملی)

همزمان با هفتمین دوره کنفرانس بین المللی  
مهندسی کامپیوتر و دانش  
ICCKE 2017  
۲۹ مهر تا ۱ آبان ماه ۱۳۹۶

**برگزار کننده: آزمایشگاه مهندسی دانش دانشگاه فردوسی مشهد**



## کارگاه ۱: آشنایی با بیوانفورماتیک و ساختارهای پروتئینی

- ✓ معرفی بیوانفورماتیک
- ✓ ژنومیک و پروتئومیک
- ✓ پروتئین و ساختارهای آن
- ✓ ارتباط بین توالی و ساختار سوم پروتئین ( Swiss Pdb Viewer )
- ✓ آموزش چگونگی همتراز کردن توالی‌های پروتئینی
- ✓ معرفی و بررسی الگوریتم‌ها و ابزارهای پیش‌بینی ساختار دوم پروتئین

ارایه دهنده: تکت‌دهقانی - دانشجوی دکتری دانشگاه فردوسی مشهد 

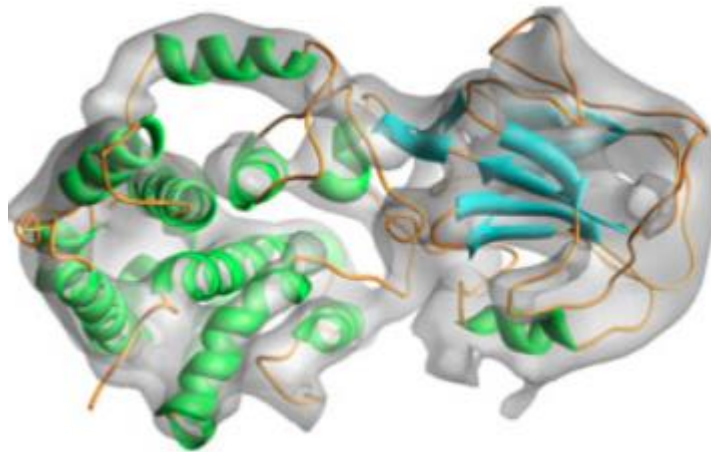
❖ زمان ارایه: ساعت ۸ تا ۱۲ - ۲۹ مهرماه ۱۳۹۶

## کارگاه ۲: پیش‌بینی ساختار سوم پروتئین

- ✓ معرفی و بررسی بانک‌های اطلاعاتی پروتئینی (PDB - Uniprot)
- ✓ ارایه روش‌های تجربی (آزمایشگاهی) پیش‌بینی ساختار سوم پروتئین
- ✓ نمایش چند نمونه پروتئین واقعی با ابزارهای نمایشی و گرافیکی
- ✓ ارایه روش‌های محاسباتی پیش‌بینی ساختار سوم پروتئین
- ✓ بررسی روند تکاملی پروتئین‌ها
- ✓ طبقه‌بندی ساختارهای سوم پروتئین با CATH و SCOP

ارایه دهنده: بهاره بهکمال، تکت‌دهقانی - دانشجویان دکتری دانشگاه فردوسی 

❖ زمان ارایه: ساعت ۸ تا ۱۲ - ۳۰ مهرماه ۱۳۹۶



## کارگاه ۳: روش آزمایشگاهی Cryo Electron Microscopy

- ✓ معرفی روش آزمایشگاهی Cryo-EM
- ✓ چگونگی ایجاد تصاویر Cryo-EM
- ✓ بررسی پایگاه داده‌های Cryo-EM
- ✓ معرفی الگوریتمها و ابزارهای مطرح در Cryo-EM
- ✓ چگونگی تعیین اسکلت پروتئین بر روی تصاویر Cryo-EM
- ✓ بررسی الگوریتمها و ابزارهای استخراج عناصر ساختار دوم از تصاویر Cryo-EM
- ✓ ارزیابی روش‌های تعیین توپولوژی پروتئین از تصاویر Cryo-EM

ارایه دهنده: بهاره بهکمال - دانشجوی دکتری دانشگاه فردوسی مشهد



❖ زمان ارایه: ساعت ۸ تا ۱۲ - ۱ آبانماه ۱۳۹۶

## کارگاه ۴: تحلیل آماری با نرم افزار R

- ✓ مقدمه‌ای بر نرم افزار R
- ✓ انواع متغییر و عملگر
- ✓ ساختارهای کنترلی
- ✓ کار با توابع درونی
- ✓ نصب پکیجها
- ✓ رسم نمودار

ارایه دهنده: بابک خرسند- دانشجوی دکتری دانشگاه تربیت مدرس



❖ زمان ارایه: ساعت ۱۴ تا ۱۸ - ۲۹ مهرماه ۱۳۹۶

## کارگاه ۵: آنالیز توالی با نرم افزار R

- ✓ گرفتن توالی نوکلئوتیدی و آمینواسیدی
- ✓ گرفتن نوع ارگانسیم، جنوس و مکان.
- ✓ درصد آدنین، گوانین، تیمین و سیتوزین
- ✓ ترجمه توالی آمینواسید به نوکلئوتید و برعکس
- ✓ Complement, Codon Adaption Index, Codon usage
- ✓ GC content, Amino acid composition, Stacking energy
- ✓ Expected effective number of codon, Evaluation Measures

ارایه دهنده: بابک خرسند- دانشجوی دکتری دانشگاه تربیت مدرس



❖ زمان ارایه: ساعت ۱۴ تا ۱۸ - ۳۰ مهرماه ۱۳۹۶

برگزارکننده:

## آزمایشگاه مهندسی دانش (KERG) – گروه بیوانفورماتیک

دانشکده مهندسی - دانشگاه فردوسی مشهد

تحت سرپرستی: پروفسور نقیبزاده



بهاره بهکمال

دانشجوی دکتری - دانشگاه فردوسی مشهد

عضو انجمن بیوانفورماتیک ایران



تکتم دهستانی

دانشجوی دکتری - دانشگاه فردوسی مشهد

عضو انجمن بیوانفورماتیک ایران



بابک خرسند

دانشجوی دکتری - دانشگاه فردوسی مشهد

عضو انجمن بیوانفورماتیک ایران

