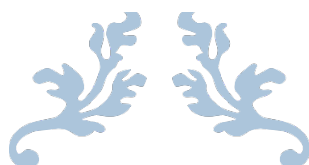




جمهوری اسلامی ایران
وزارت علوم، تحقیقات و فناوری
شورای عالی برنامه ریزی آموزشی



برنامه درسی رشته

بیوانفورماتیک

Bioinformatics

مقطع کارشناسی ارشد ناپیوسته



برنامه درسی مرجع

گروه فنی و مهندسی
کارگروه تخصصی مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات



نام رشته: بیوانفورماتیک

عنوان گرایش: -

گروه: فنی و مهندسی

دوره تحصیلی: کارشناسی ارشد ناپیوسته

کار گروه تخصصی: مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات

نوع مصوبه: بازنگری (به همراه تغییر عنوان)

پیشنهادی: کار گروه تخصصی مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات

تاریخ تصویب: ۱۴۰۳/۱۰/۱۶

برنامه درسی بازنگری شده و تغییر عنوان یافته دوره کارشناسی ارشد ناپیوسته رشته بیوانفورماتیک در جلسه شماره ۹۷۲ تاریخ ۱۴۰۳/۱۰/۱۶ شورای عالی برنامه ریزی آموزشی به شرح زیر تصویب شد:

ماده یک- این برنامه درسی برای دانشجویانی که پس از تصویب این برنامه درسی در دانشگاه‌ها و موسسات آموزش عالی پذیرفته می‌شوند، قابل اجرا است.

ماده دو- برنامه درسی دوره کارشناسی ارشد ناپیوسته رشته مهندسی کامپیوتر گرایش بیوانفورماتیک مصوب جلسه ۸۸۷ تاریخ ۱۳۹۶/۰۹/۰۴ شورای عالی برنامه ریزی آموزشی و همه برنامه‌های درسی اختصاصی تا پیش از تصویب این برنامه منسوخ شده و برنامه درسی بازنگری شده با عنوان جدید، جایگزین آن می‌شود.

ماده سه- این برنامه درسی در سه فصل: مشخصات کلی، جدول‌های واحدهای درسی و سرفصل دروس تنظیم شده است و برای اجرا در دانشگاه‌ها و موسسات آموزش عالی پس از اخذ مجوز پذیرش دانشجو از شورای گسترش آموزش عالی و سایر ضوابط و مقررات مصوب وزارت علوم، تحقیقات و فناوری، ابلاغ می‌شود.

ماده چهار- این برنامه درسی از شروع سال تحصیلی ۱۴۰۴-۱۴۰۵ به مدت ۵ سال قابل اجرا است و پس از آن، در صورت تشخیص کارگروه تخصصی مربوطه، نیاز به بازنگری دارد.

دکتر رضا نقی زاده

مدیر کل دفتر برنامه ریزی آموزش عالی

دکتر ابوالفضل واحدی

معاون آموزشی و دبیر شورای عالی برنامه ریزی آموزشی

اعضای کمیته تدوین و بازنگری برنامه: (به ترتیب حروف الفبا)

عضو هیئت علمی دانشگاه صنعتی شریف	دکتر شاهین حسابی
عضو هیئت علمی دانشگاه شهید بهشتی	دکتر حسن حقیقی
عضو هیئت علمی دانشگاه صنعتی امیرکبیر	دکتر رضا صفابخش
عضو هیئت علمی دانشگاه صنعتی شریف	دکتر حمید ضرابی زاده
عضو هیئت علمی دانشگاه تهران	دکتر مهدی کارگهی
عضو هیئت علمی دانشگاه فردوسی مشهد	دکتر محسن کاهانی
عضو هیئت علمی دانشگاه علم و صنعت ایران	دکتر بهروز مینایی

همکار اصلی:

دکتر محمدحسین رهبان	عضو هیئت علمی دانشگاه صنعتی شریف
---------------------	----------------------------------

سرفصل دروس این برنامه توسط اعضای هیئت علمی دانشگاه‌های همکار تهیه شده و توسط کمیته تدوین و بازنگری برنامه ویرایش شده است.

فصل اول

مشخصات کلی برنامه درسی

مقدمه

رشته بیوانفورماتیک (Bioinformatics) به توسعه الگوریتم‌ها، مدل‌های محاسباتی و ابزارهای نرم‌افزاری لازم برای پردازش، تحلیل و استخراج اطلاعات از داده‌های زیستی می‌پردازد. این حوزه میان‌رشته‌ای با تلفیق دانش مهندسی و علم کامپیوتر و زیست‌شناسی، امکان تفسیر دقیق داده‌های زیستی را فراهم کرده، نقش کلیدی در پیشرفت‌های علمی، پزشکی و زیست‌فناوری ایفا می‌کند.

با توجه به تحولات سریع در زمینه بیوانفورماتیک، دانشجویان علاوه بر به‌روز ماندن با جدیدترین فناوری‌ها، باید به مهارت‌هایی مجهز شوند که بتوانند با چالش‌ها و فرصت‌های جدید به‌موقع سازگار شوند. به همین دلیل لازم است به طور منظم برنامه‌های درسی رشته بیوانفورماتیک بررسی و بازنگری شوند تا اطمینان حاصل شود که دانشجویان ضمن دریافت بهترین آموزش ممکن، به خوبی برای مقابله با چالش‌ها و فرصت‌های این رشته به سرعت در حال توسعه مجهز خواهند شد.

در طراحی برنامه‌ی جدید کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک تلاش شده است علاوه بر هم‌راستایی با روندهای نوین فناوری، به نیازهای علمی و صنعتی کشور نیز پاسخ داده شود. همچنین، این برنامه با در نظر گرفتن استانداردهای بین‌المللی و الگو گرفتن از برنامه‌های درسی دانشگاه‌های معتبر جهان، زمینه‌ی آموزش به‌روز و کارآمد را برای دانشجویان فراهم می‌کند.

۱- تعریف و اهداف

دوره‌ی کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک شامل مجموعه‌ای از درس‌های نظری به همراه دوره پژوهشی جهت تعمیق اطلاعات نظری و تجربی متخصصان این حوزه است که زمینه کافی جهت درک و توسعه آنچه در مرزهای فناوری در حال حاضر در این رشته می‌گذرد را فراهم می‌آورد. هدف از این دوره، تربیت متخصصانی است که توانایی طراحی و اجرای پژوهش‌های پیشرفته، توسعه‌ی فناوری‌های نوین در پردازش داده‌های زیستی و ارائه‌ی راهکارهای نوآورانه برای حل مسائل زیست‌پزشکی را داشته باشند. دانش‌آموختگان این رشته می‌توانند در حوزه‌های مختلفی از جمله تحقیقات زیست‌پزشکی، داروسازی، پزشکی شخصی‌سازی‌شده و کشف داروهای جدید فعالیت کنند.

۲- اهمیت و ضرورت

رشته بیوانفورماتیک با توجه به رشد فزاینده‌ی داده‌های زیستی و پیچیدگی آن‌ها، به یکی از حوزه‌های کلیدی علوم زیستی و پزشکی تبدیل شده است. با پیشرفت فناوری‌های توالی‌یابی، تصویربرداری زیستی و سایر روش‌های تولید داده‌های زیستی، نیاز به ابزارهای محاسباتی پیشرفته برای ذخیره‌سازی، پردازش و تحلیل این داده‌ها بیش از پیش احساس می‌شود. رشته بیوانفورماتیک با ارائه‌ی الگوریتم‌ها و مدل‌های تحلیلی نوین، امکان کشف الگوهای زیستی، شناسایی بیماری‌های ژنتیکی، طراحی داروهای جدید و توسعه‌ی روش‌های درمانی شخصی‌سازی‌شده را فراهم می‌کند.

اهمیت این رشته نه تنها در تحقیقات علمی، بلکه در صنایع مختلف از جمله زیست‌فناوری، داروسازی و پزشکی دقیق نیز آشکار است. استفاده از روش‌های بیوانفورماتیکی در کشف دارو، طراحی واکسن، مهندسی ژنتیک و کشاورزی هوشمند، باعث افزایش سرعت و دقت در پژوهش‌های زیستی شده و تحولات چشمگیری را در این حوزه‌ها رقم زده است. همچنین، در دنیای امروز که داده‌های زیستی به‌طور مستمر در حال افزایش‌اند، نیاز به متخصصان بیوانفورماتیک که توانایی تحلیل و مدیریت این داده‌ها را داشته باشند، امری ضروری و اجتناب‌ناپذیر است.

۳- تعداد و نوع واحدهای درسی

دوره‌ی کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک دوره‌ای به طول دو سال و مشتمل بر ۳۲ واحد درسی به شرح زیر است.

جدول (۱) - توزیع واحدها

نوع درس	تعداد واحد
تخصصی الزامی	۱۴
تخصصی اختیاری	۱۲
پایان‌نامه	۶
جمع	۳۲

دروس تخصصی الزامی شامل ۴ درس نظری سه واحدی از جدول دروس تخصصی الزامی به علاوه‌ی ۲ واحد سمینار کارشناسی ارشد است. دروس تخصصی اختیاری شامل ۴ درس نظری سه واحدی است که از جدول دروس تخصصی اختیاری یا تخصصی الزامی اخذ می‌شود.

فهرست دروس در فصل دوم آمده است. سیلابس دروس دارای عنوان «مباحث ویژه» می‌تواند متناسب با آمایش و ماموریت دانشگاه توسط دانشگاه مجری تدوین شود.

۴- شرایط و ضوابط ورود به دوره

دانشجویان این دوره از طریق آزمون ورودی و از بین دانش‌آموختگان کارشناسی رشته مهندسی و علم کامپیوتر و یا رشته‌های مرتبط و مطابق با ضوابط وزارت علوم، تحقیقات و فناوری انتخاب می‌شوند. با توجه به محدودیت تعداد دروس جبرانی، دانشجویان می‌توانند فقط از مقطع کارشناسی رشته‌های مهندسی و نیز رشته‌های علوم ریاضی و فیزیک وارد دوره کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک شوند.

عناوین دروس امتحانی این رشته در آزمون سراسری به شرح زیر است.

جدول (۲) - مواد امتحانی آزمون ورودی کارشناسی ارشد ناپیوسته

مجموعه	فهرست دروس	ضریب
زبان انگلیسی	زبان عمومی و تخصصی	۱
ریاضیات	ریاضیات گسسته، آمار و احتمال مهندسی، جبر خطی	۲
دروس تخصصی	مبانی کامپیوتر و برنامه‌سازی، مدارهای منطقی، معماری کامپیوتر، داده‌ساختارها و الگوریتم‌ها، نظریه زبان‌ها و ماشین‌ها، سیستم‌های عامل، هوش مصنوعی	۴

دروس جبرانی

در صورتی که دانشجوی کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک برخی از دروس کارشناسی موردنیاز رشته خود را نگذرانده باشد، لازم است از بین دروس زیر حداکثر ۴ درس را در دوره کارشناسی ارشد به عنوان دروس جبرانی با نظر گروه آموزشی مربوطه از بین دروسی که صرفاً در مقطع کارشناسی همان دانشگاه ارائه می‌شود، حداکثر تا پایان سال اول تحصیل خود بگذرانند.

- آمار و احتمال مهندسی
- طراحی الگوریتم‌ها
- مقدمه‌ای بر بیوانفورماتیک
- زیست‌شناسی سلولی و مولکولی

۵- نقش، توانایی و شایستگی مورد انتظار از دانش‌آموختگان

دانش‌آموختگان دوره کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک دارای مهارت‌ها، شایستگی‌ها و توانمندی‌های زیر خواهند بود.

مهارت‌ها، شایستگی‌ها و توانمندی‌های عمومی	نمونه دروس مرتبط
۱ برقراری ارتباط موثر (شفاهی، نوشتاری و تصویری) در محیط حرفه‌ای و عمومی	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
۲ شناسایی، فرمول‌بندی و حل مسائل مهندسی با بکارگیری اصول ریاضی و علمی	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
۳ طراحی، راه‌اندازی و اجرای آزمایش‌ها، استخراج و تحلیل داده‌ها و نتیجه‌گیری مناسب بر اساس قضاوت صحیح مهندسی	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
۴ طراحی یک وسیله، سیستم یا فرایند، جهت رفع یک نیاز مشخص، با لحاظ کردن قیود واقع‌گرایانه از قبیل محدودیت‌های اقتصادی، ایمنی، زیست‌محیطی، اجتماعی، اخلاقی، ...	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
۵ قابلیت کار موثر تیمی در کنار افراد با تخصص‌های متفاوت	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
۶ درک اهمیت و قابلیت یادگیری مستمر، به روزرسانی اطلاعات، کسب دانش جدید و آگاهی از شرایط معاصر	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
۷ توانایی استفاده از فناوری‌ها، مهارت‌ها، و ابزارهای مدرن در فعالیتهای مهندسی	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
۸ شناخت مسئولیت‌های حرفه‌ای و اخلاقی در جایگاه مهندسی و درک تأثیرات اجتماعی، اقتصادی و زیست‌محیطی فعالیت‌های مهندسی	کلیه دروس دوره کارشناسی ارشد
مهارت‌ها، شایستگی‌ها و توانمندی‌های ویژه	دروس مرتبط
۹ مهارت تحلیل و پردازش داده‌های زیستی بزرگ‌مقیاس	تحلیل داده‌های ژنومیک، پایگاه داده‌های بیوانفورماتیک، معماری سیستم‌های کلان‌داده

۱۰	مدل سازی و تحلیل شبکه های زیستی	تحلیل شبکه های زیستی، طراحی و بهینه سازی شبکه های زیستی، مدل های گرافی احتمالی
۱۱	تحلیل و تفسیر اطلاعات ژنتیکی و تکاملی	تکامل و ژنتیک جمعیت، الگوریتم های بیوانفورماتیک، فرایندهای تصادفی در بیوانفورماتیک
۱۲	مدل سازی ساختاری و طراحی دارو	بیوانفورماتیک ساختاری، طراحی محاسباتی دارو، شیمی در علوم زیستی
۱۳	تحلیل داده های تصویری زیست پزشکی	تحلیل تصاویر زیست پزشکی، یادگیری عمیق
۱۴	شبیه سازی و مدل سازی فرآیندهای زیستی	مدل های بنیادی در بیوانفورماتیک، فرایندهای تصادفی در بیوانفورماتیک
۱۵	مدیریت و تحلیل پایگاه های داده زیستی	پایگاه داده های بیوانفورماتیک، اصول و تکنیک ها در علم داده، معماری سیستم های کلان داده
۱۶	بهینه سازی و توسعه الگوریتم های بیوانفورماتیکی	الگوریتم های بیوانفورماتیک، تحلیل سری های زمانی، مدل های گرافی احتمالی

۶- زمینه های شغلی حال و آینده

زمینه های شغلی موجود برای دانش آموختگان رشته بیوانفورماتیک بسیار گسترده و متنوع است. در زیر نمونه ای از این فرصت ها به تفکیک مشاغل استخدامی و خوداشتغالی ذکر شده است.

فرصت های شغلی استخدامی	فرصت های خوداشتغالی
تحلیل گر داده های زیستی	مشاور در زمینه تحلیل داده های ژنتیکی
پژوهشگر بیوانفورماتیک	توسعه دهنده نرم افزارهای بیوانفورماتیکی
کارشناس طراحی دارو	راه اندازی استارت آپ های زیست فناوری
متخصص هوش مصنوعی زیستی	متخصص پزشکی دقیق و ژنومیک شخصی
کارشناس سیستم های اطلاعات زیستی	کارشناس پردازش و کاوش داده های زیستی
کارشناس زیست فناوری محاسباتی	
کارشناس بیوانفورماتیک در مراکز پزشکی	
متخصص ژنومیک و تحلیل داده های ژنتیکی	

۷- جایگاه تمدنی، فرهنگی و اجتماعی

ایران با پیشینه ای غنی در علوم و دانش، همواره نقش مهمی در توسعه علوم زیستی و پزشکی ایفا کرده است. از دوران کهن، دانشمندانی همچون ابن سینا و زکریای رازی در حوزه ی پزشکی و علوم زیستی پیشگام بوده اند و آثار آن ها هنوز هم در محافل علمی جهان مورد توجه قرار می گیرد. در عصر مدرن، ایران با سرمایه گذاری در حوزه های زیست فناوری، مهندسی و علم کامپیوتر و مهندسی ژنتیک، توانسته است جایگاه خود را در علوم میان رشته ای مانند بیوانفورماتیک تقویت کند. دانشگاه ها و مراکز تحقیقاتی کشور با بهره گیری از دانش متخصصان داخلی در مسیر توسعه ی الگوریتم ها و مدل های محاسباتی برای تحلیل داده های زیستی گام برداشته اند.

از منظر فرهنگی و اجتماعی، ایران با داشتن ظرفیت بالای نیروی انسانی متخصص و علاقه‌مندی جوانان به رشته‌های علوم زیستی و فناوری‌های نوین، می‌تواند به یکی از قطب‌های منطقه‌ای در زمینه بیوانفورماتیک تبدیل شود. حمایت از پژوهش‌های نوآورانه، ایجاد زیرساخت‌های پیشرفته برای پردازش داده‌های زیستی و توسعه همکاری‌های علمی میان‌رشته‌ای، از جمله اقداماتی است که می‌تواند موقعیت ایران را در این حوزه ارتقا دهد. همچنین، کاربردهای بیوانفورماتیک در بهبود بهداشت عمومی، پزشکی شخصی‌سازی‌شده و کشف داروهای جدید، می‌تواند به حل چالش‌های نظام سلامت کشور کمک کرده و کیفیت زندگی جامعه را بهبود بخشد.

فصل دوم

جدول عناوین و مشخصات دروس

جدول (۱) - عنوان و مشخصات کلی دروس تخصصی الزامی

ردیف	عنوان درس	تعداد واحد	تعداد ساعات		پیش نیاز
			نظری	عملی	
۱	تکامل و ژنتیک جمعیت	۳	۴۸	۰	
۲	بیوانفورماتیک ساختاری	۳	۴۸	۰	
۳	الگوریتم‌های بیوانفورماتیک	۳	۴۸	۰	
۴	تحلیل داده‌های ژنومیک	۳	۴۸	۰	
۵	یادگیری ماشین	۳	۴۸	۰	
۶	تحلیل تصاویر زیست پزشکی	۳	۴۸	۰	
۷	شیمی در علوم زیستی	۳	۴۸	۰	

اخذ حداقل ۴ درس از این جدول برای دانشجویان رشته بیوانفورماتیک الزامی است.

جدول (۲) - عنوان و مشخصات کلی دروس تخصصی اختیاری

ردیف	عنوان درس	تعداد واحد	تعداد ساعات		پیش نیاز
			نظری	عملی	
۱	تحلیل شبکه‌های زیستی	۳	۴۸	۰	
۲	طراحی محاسباتی دارو	۳	۴۸	۰	
۳	طراحی و بهینه‌سازی شبکه‌های زیستی	۳	۴۸	۰	
۴	پایگاه داده‌های بیوانفورماتیک	۳	۴۸	۰	
۵	فرایندهای تصادفی در بیوانفورماتیک	۳	۴۸	۰	
۶	یادگیری عمیق	۳	۴۸	۰	
۷	مدل‌های گرافی احتمالی	۳	۴۸	۰	
۸	معماری سیستم‌های کلان‌داده	۳	۴۸	۰	
۹	امنیت و حریم خصوصی داده	۳	۴۸	۰	
۱۰	اصول و تکنیک‌ها در علم داده	۳	۴۸	۰	
۱۱	تحلیل سری‌های زمانی	۳	۴۸	۰	
۱۲	مدل‌های بنیادی در بیوانفورماتیک	۳	۴۸	۰	
۱۳	مباحث ویژه در بیوانفورماتیک ۱	۳	۴۸	۰	
۱۴	مباحث ویژه در بیوانفورماتیک ۲	۳	۴۸	۰	
۱۵	دو درس از رشته‌ها یا گرایش‌های دیگر با نظر استاد راهنما				

فصل سوم
ویژگی‌های دروس

سرفصل دروس

۱۵	تکامل و ژنتیک جمعیت
۱۷	بیوانفورماتیک ساختاری
۱۹	الگوریتم‌های بیوانفورماتیک
۲۰	تحلیل داده‌های ژنومیک
۲۲	یادگیری ماشین
۲۴	تحلیل تصاویر زیست‌پزشکی
۲۶	شیمی در علوم زیستی
۲۸	تحلیل شبکه‌های زیستی
۳۰	طراحی محاسباتی دارو
۳۲	طراحی و بهینه‌سازی شبکه‌های زیستی
۳۴	پایگاه داده‌های بیوانفورماتیک
۳۵	فرایندهای تصادفی در بیوانفورماتیک
۳۷	یادگیری عمیق
۳۹	مدل‌های گرافی احتمالی
۴۰	معماری سیستم‌های کلان‌داده
۴۱	امنیت و حریم خصوصی داده
۴۳	اصول و تکنیک‌ها در علم داده
۴۵	تحلیل سری‌های زمانی
۴۶	مدل‌های بنیادی در بیوانفورماتیک

عنوان درس به فارسی:		تکامل و ژنتیک جمعیت	
عنوان درس به انگلیسی:		Evolution and Population Genomics	
دروس پیش نیاز:	–	پایه ☐ نظری ☒	
دروس هم نیاز:	–	تخصصی الزامی ☒ عملی ☐	
تعداد واحد:	۳	تخصصی اختیاری ☐ نظری-عملی ☐	
تعداد ساعت:	۴۸	مهارتی ☐	

هدف کلی

هدف از این درس، آشنایی دانشجویان با محتوای ژنوم موجودات و نحوه عملکرد آنها می باشد. یادگیری مفاهیم ابتدایی تکامل و همچنین پیدا کردن اشتراک های مهم بین موجودات از جمله مواردی می باشند که در این درس بدان ها پرداخته می گردد. نحوه استخراج و تحلیل دادگان نیز به دانشجویان آموزش داده می شود. یافتن عوامل تفاوت میان افراد یک گونه و ارتباط میان بیماری ها و ژنوم مورد بررسی قرار می گیرد.

سرفصل ها

- مدل های تکاملی رشته های زیستی
 - آشنایی با فرایندهای مارکوف برگشت پذیر در زمان
 - آشنایی با مدل های تکاملی
 - محاسبه بیشینه احتمال برای رشته های زیستی
- ساخت درخت فیلوژنی
 - روش های مبتنی بر فاصله
 - روش های مبتنی بر رشته (روش Parsimony و روش بیشینه احتمال)
 - ارزیابی درخت های فیلوژنی
- هم ردیفی های چندگانه
 - روش های امتیازدهی
 - روش center-star
 - روش Lifted-tree
 - روشهای پیشرونده
- ژنتیک جمعیت
 - مدل Wright-Fisher
 - مدل Coalescent
 - مدل های جهش (بی نهایت آلل، بی نهایت مکان، مکان محدود)
 - مدل Coalescent به همراه جهش
 - تخمین پارامترها و درخت
 - مدل درخت جمعیتی با فرایند نو ترکیب

○ تحلیل Linkage Disequilibrium

- مقایسه ژنوم در سطح موجودات
- مطالعه در گستره ژنوم GWAS

منابع علمی پیشنهادی

- [1] Dan Gusfield. *Algorithms on strings, trees and sequences: computer science and computational biology*. Cambridge University Press, 1997.
- [2] Richard Durbin, ed. *Biological sequence analysis: probabilistic models of proteins and nucleic acids*. Cambridge University Press, 1998.
- [3] Richard Durrett. *Probability models for DNA sequence evolution*. Springer, 2008.
- [4] Jotun Hein, Mikkel Schierup, and Carsten Wiuf. *Gene genealogies, variation and evolution: a primer in coalescent theory*. Oxford University Press, 2004.

عنوان درس به فارسی: بیوانفورماتیک ساختاری		عنوان درس به انگلیسی: Structural Bioinformatics	نوع درس و واحد
دروس پیش نیاز:	–		پایه ☐ نظری ☒
دروس هم نیاز:	–		تخصصی الزامی ☒ عملی ☐
تعداد واحد:	۳		تخصصی اختیاری ☐ نظری-عملی ☐
تعداد ساعت:	۴۸		مهارتی ☐

هدف کلی

هدف درس بیوانفورماتیک ساختاری آشنایی دانشجویان با بازیابی، سازماندهی و تجزیه و تحلیل داده‌های زیست‌شناسی ساختاری است. در این درس دانشجویان با روابط توالی، ساختار و عملکرد پروتئین‌ها که از اصول مهم در درک جامع بیوانفورماتیک ساختاری است و همچنین روش‌ها، الگوریتم‌ها و نرم‌افزارهای شناخته شده در بیوانفورماتیک ساختاری، آشنا می‌شوند.

سرفصل‌ها

- آشنایی با بیوانفورماتیک ساختاری
- ساختار مولکول‌های زیستی
 - واحدهای مونومری در سازمان مولکولی سلول‌ها
 - ساختار و شیمی نوکلئیک اسیدها و اسیدهای آمینه
 - خصوصیات ساختاری پلی‌پپتیدها
 - ساختار اول، دوم، سوم و چهارم پروتئین‌ها
 - طبقه بندی ساختارهای دوم و سوم پروتئین‌ها
 - ساختار سه بعدی DNA و RNA
- مشاهده و آنالیز ساختار پروتئین‌ها
 - آشنایی با زبان TCL
 - بررسی خصوصیات ساختاری ۳ بعدی پروتئین‌ها (خطای جذر میانگین مربعات، شعاع دوران، سطح قابل دسترس حلال و ...)
 - مشاهده و آنالیز ساختار مولکول‌های زیستی با نرم‌افزار VMD
- پایگاه داده‌های بیوانفورماتیک ساختاری
 - پایگاه داده توالی‌های پروتئین
 - پایگاه داده ساختار ۳ بعدی پروتئین‌ها (Protein Data Bank)، آشنایی با تعیین ساختار سه بعدی توسط روش کریستالوگرافی x-ray، فرمت (PDB)
 - پایگاه داده مولکول‌های کوچک شیمیایی
- مناظر انرژی بیومولکولی
 - جستجو در مناظر انرژی بیومولکولی

- Fold شدن پروتئین‌ها
- بهینه‌سازی ژئومتری و جستجوی ساختاری
- پروتئین‌های بی نظم داتی
- شبیه سازی دینامیک مولکولی
 - مکانیک مولکولی و میدان‌های نیروی
 - اصول و انواع شبیه سازی دینامیک مولکولی
- پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها
 - پیش بینی ساختار دوم پروتئین‌ها
 - پیش بینی ساختار سوم پروتئین‌ها با استفاده از مدل‌سازی بر پایه Homology
 - پیش بینی ساختار سوم پروتئین‌ها با استفاده از مدل‌سازی بر پایه Threading
 - پیش بینی ساختار سوم پروتئین‌ها بدون الگو بر پایه یادگیری ماشین
- Docking مولکولی
 - برهم‌کنش و Docking پروتئین و مولکول‌های شیمیایی
 - برهم‌کنش و Docking پروتئین و پروتئین
- شبکه در بیوانفورماتیک ساختاری
 - شبکه‌های برهم‌کنش اسیدهای آمینه
 - شبکه‌های انرژی پروتئین

منابع علمی پیشنهادی

- [1] Philip E. Bourne and Helge Weissig. *Structural Bioinformatics*. John Wiley & Sons Publication, 2009.
- [2] Forbes J. Burkowski. *Structural Bioinformatics: An Algorithmic Approach*. Taylor & Francis Group, CRC Press, 2013.
- [3] David L. Nelson and Michael M. Cox. *Lehninger Principles of Biochemistry*. 6th Edition, New York W H Freeman, 2013.
- [4] Tamar Schlick. *Molecular Modeling and Simulation: An Interdisciplinary Guide*. 2nd Edition, Springer, 2010.

عنوان درس به فارسی: الگوریتم‌های بیوانفورماتیک		عنوان درس به انگلیسی:
نوع درس و واحد	Algorithms for Bioinformatics	
پایه ☐ نظری ☒	–	دروس پیش‌نیاز:
تخصصی الزامی ☒ عملی ☐	–	دروس هم‌نیاز:
تخصصی اختیاری ☐ نظری-عملی ☐	۳	تعداد واحد:
مهارتی ☐	۴۸	تعداد ساعت:

هدف کلی

هدف از این درس آشنایی دانشجویان با مباحث پیشرفته‌تر الگوریتم‌های بیوانفورماتیک است. انتظار می‌رود دانشجویان در درس مقدمه‌ای بر بیوانفورماتیک، آشنایی مقدماتی با الگوریتم‌های بیوانفورماتیک پیدا کرده باشند. هدف از این درس، تقویت و عمق بخشیدن به دانش الگوریتمی دانشجویان است.

سرفصل‌ها

- داده‌ساختارهای رشته‌ای
- تبدیل باروز-ویلر و کاربردهای آن
- مشابهت‌یابی رشته‌ها
- روش‌های مبتنی بر شار بیشینه
- الگوریتم‌های تقریبی برای توالی‌یابی
- الگوریتم‌های تقریب همسایگی
- روش‌های مبتنی بر برنامه‌ریزی خطی
- تحلیل ژنوم
- تحلیل ترانسکریپتوم
- تحلیل پروتئوم
- تحلیل متاژنوم

منابع علمی پیشنهادی

- [1] V. Mäkinen, D. Belazzougui, F. Cunial, and A. I. Tomescu. *Genome-scale algorithm design*. Cambridge University Press, 2015.
- [2] W. K. Sun. *Algorithms in Bioinformatics, A Practical Introduction*. CRC Press, 2010.
- [3] I. Mandoiu and A. Zelikovsky. *Bioinformatics Algorithms, Techniques and Applications*. Wiley-Interscience, 2008.

عنوان درس به فارسی:		تحلیل داده‌های ژنومیک	
عنوان درس به انگلیسی:		Genomic Data Analysis	
دروس پیش‌نیاز:		–	
دروس هم‌نیاز:		–	
تعداد واحد:		۳	نظری ☒ پایه ☐ عملی ☐ تخصصی الزامی ☒ تخصصی اختیاری ☐ نظری-عملی ☐ مهارتی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	

هدف کلی

هدف از این درس، آشنایی دانشجویان با الگوریتم‌های موجود برای تحلیل داده‌های حجیم زیستی است. این موارد شامل آماده‌سازی کتابخانه، توالی‌یابی‌های دنا و رنا، تحلیل برهم‌کنش دنا و پروتئین و روش‌های تک‌سلولی است.

سرفصل‌ها

- آماده‌سازی کتابخانه
 - تکنیک‌های موجود
 - محاسبه پیچیدگی کتابخانه
- توالی‌یابی دنا
 - برهم نهی تمام ژنوم
 - برهم نهی تمام اگزون
 - phase کردن
- توالی‌یابی رنا
 - نرمالیزه کردن بیان
 - یافتن ژن‌های تفریقی
 - یافتن شبکه‌های تنظیمی بیان ژن
- تحلیل برهم‌کنش دنا و پروتئین
 - روش‌های نرمالیزه کردن داده
 - ChIP-Seq
 - ATAC-Seq
 - یافتن متیف‌ها
- روش‌های تک‌سلولی
 - نرمالیزه کردن داده‌های تک‌سلولی
 - دسته‌بندی داده‌های تک‌سلولی
 - پر کردن داده‌های تک‌سلولی
 - استنتاج از داده‌های تک‌سلولی

- [1] Shui Qing Ye, ed. *Big data analysis for bioinformatics and biomedical discoveries*. CRC Press, 2016.
- [2] Ju Han Kim. *Genome Data Analysis*. Springer, 2019.

عنوان درس به فارسی:		یادگیری ماشین	
عنوان درس به انگلیسی:		Machine Learning	
نوع درس و واحد			
پایه ☐ نظری ☒		-	
تخصصی الزامی ☒ عملی ☐		-	
تخصصی اختیاری ☐ نظری-عملی ☐		۳	تعداد واحد:
مهارتی ☐		۴۸	تعداد ساعت:

هدف کلی

در این درس مفاهیم یادگیری ماشین مطرح شده و آشنایی با شاخه‌های مختلف این زمینه صورت گرفته و جنبه‌های مهم عملی و نظری آن معرفی خواهد شد. در شاخه‌های مختلف، تکنیک‌ها و الگوریتم‌های مهم بحث می‌شود. در حوزه یادگیری با نظارت، رگرسیون و دسته‌بندی مورد بررسی قرار خواهند گرفت و روش‌های حل این مسائل و ارزیابی مدل‌ها معرفی خواهد شد. برای دسته بندی، انواع دیدگاه‌ها و الگوریتم‌های مربوطه مطرح می‌شود. در بخش یادگیری بدون نظارت، در مورد تخمین چگالی، کاهش ابعاد بدون نظارت و خوشه‌بندی صحبت خواهد شد. در نهایت آشنایی مختصری با یادگیری تقویتی صورت خواهد گرفت.

سرفصل‌ها

- مقدمه: مباحث پایه و رویکردهای مختلف یادگیری
- رگرسیون: بیش‌برازش، رگرسیون خطی و غیرخطی، رگرسیون آماری، منظم سازی و مصالحه بایاس و واریانس
- دسته‌بندی: دسته‌بندی چند دسته‌ای، قاعده محور، احتمالاتی: تئوری تصمیم، رگرسیون لجستیکی
- دسته‌بندی تمایزی: جداساز فیشر، ماشین بردار پشتیبان
- درخت تصمیم: آنتروپی و بهره اطلاعات، الگوریتم ID3، C4.5 و هرس درخت تصمیم
- روش‌های تخمین پارامتر: MLE، Bayesian، EM
- کاهش ابعاد: تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA)، تحلیل همبستگی متعارف (CCA)
- خوشه‌بندی: روش‌های افزایی، سلسله مراتبی، مبتنی بر چگالی و طیفی
- ارزیابی و تنظیم کردن مدل‌ها: اعتبار سنجی متقابل، انتخاب مدل و انتخاب ویژگی
- روش‌های یادگیری مبتنی بر نمونه: تخمین چگالی غیرپارامتری، دسته‌بندی k نزدیکترین همسایه
- یادگیری جمعی: bagging, adaboost, boosting
- یادگیری تقویتی: فرایند تصمیم مارکوف، روش‌های مبتنی بر مدل و بی‌مدل، الگوریتم سارسا، یادگیری کیو

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- تمرین‌ها و پروژه: ۳۰ درصد نمره
- آزمون‌های میان‌ترم و پایانی: ۶۰ درصد نمره
- پروژه پژوهشی: ۱۰ درصد نمره

- [1] K. Murphy. *Machine Learning: A probabilistic Perspective*. MIT Press, 2013.
- [2] C. M. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2006.
- [3] E. Alpaydin. *Introduction to Machine Learning*. MIT Press, 2020.

عنوان درس به فارسی:		تحلیل تصاویر زیست پزشکی	
عنوان درس به انگلیسی:		Analysis of Biomedical Images	
دروس پیش نیاز:		—	
دروس هم نیاز:		—	
تعداد واحد:		۳	
تعداد ساعت:		۴۸	
نوع درس و واحد			
پایه ☐ نظری ☒			
تخصصی الزامی ☒ عملی ☐			
تخصصی اختیاری ☐ نظری-عملی ☐			
مهارتی ☐			

هدف کلی

با توجه به تحولات اخیر حوزه هوش مصنوعی و یادگیری ماشین، و همچنین پیشرفت فناوری‌های تصویربرداری زیست پزشکی و تولید تصاویر باکیفیت، پردازش هوشمند این تصاویر بیشتر امکان پذیر شده است. هدف از این درس کسب توانایی‌های لازم برای طراحی اصول مند راه حل‌های نوین هوشمند و مطمئن برای مسائل موجود پزشکی مانند تشخیص، پیش بینی، بهبود تصویر، و قطعه بندی تصاویر و همچنین رسیدن به زبان مشترک برای انتقال یافته ها و روش طراحی شده به یک متخصص زیست شناس یا رادیولوژیست است.

سرفصل‌ها

- اصول اولیه پردازش و ذخیره سازی تصاویر (سه جلسه)
 - تئوری نمونه برداری و تبدیل فوریه
 - روش های درون یابی و سنجش فشرده (compressed sensing) برای بازسازی تصاویر
 - فرمت DICOM برای ذخیره سازی و انتقال تصاویر پزشکی
- منابع تصاویر پزشکی (مانند X-ray و MRI) و فیزیک آن (دو جلسه)
- انواع میکروسکوپ (فلورسنت، الکترونی و غیره) (دو جلسه)
- نرم افزارهای تحلیل و کمی سازی تصاویر میکروسکوپی مانند CellProfiler و Ilastik و ImageJ (پنج جلسه)
- انواع پیش پردازش های مفید تصاویر (سه جلسه)
 - بهبود تصاویر (image enhancement)
 - ثبت تصاویر (image registration)
- روش های قطعه بندی (segmentation) (پنج جلسه)
 - آستانه گذاری
 - روش Watershed
 - روش Faster Mask RCNN
 - روش U-net و مشتقات آن
 - روش های 3D CNN برای قطعه بندی تصاویر حجمی (V-net و DeepMedic و HighRes3Dnet)
 - روش Segment Anything
- روش های ردیابی سلول ها در ویدئو (دو جلسه)
- روش های خودکار تشخیص و پیش بینی تصاویر (چهار جلسه)

- روش‌های نمایه‌سازی (profiling) تصاویر میکروسکوپی (دو جلسه)

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- تمرین: ۱۵٪
- پروژه: ۲۰٪
- امتحان کوتاه: ۱۰٪
- امتحان میان‌ترم: ۲۵٪
- امتحان پایان ترم: ۳۰٪

منابع علمی پیشنهادی

- [1] Kota Miura. *Bioimage Data Analysis*. Wiley, 2016.
- [2] Paul Suetens. *Fundamentals of Medical Imaging*. Cambridge University Press, 3rd Edition, 2017.
- [3] Guorong Wu, Dinggang Shen, Mert Sabuncu. *Machine Learning and Medical Imaging*. Elsevier and Micca Society, 1st Edition, 2016.
- [4] S. Kevin Zhou, Hayit Greenspan, Dinggang Shen. *Deep Learning for Medical Image Analysis*. Elsevier, 1st Edition, 2017.

عنوان درس به فارسی:		شیمی در علوم زیستی	
عنوان درس به انگلیسی:		Chemistry for Biology	
دروس پیش نیاز:	–	پایه ☐ نظری ☒	
دروس هم نیاز:	–	تخصصی الزامی ☒ عملی ☐	
تعداد واحد:	۳	تخصصی اختیاری ☐ نظری-عملی ☐	
تعداد ساعت:	۴۸	مهارتی ☐	

هدف کلی

هدف از این درس، آشنایی با مبانی شیمی و کاربرد آن‌ها در سیستم‌های زیستی و همچنین کاربرد آن‌ها در روش‌های شبیه‌سازی و طراحی دارو با استفاده از نرم‌افزارهای براساس روش‌های مکانیک کوانتومی و مکانیک مولکولی است.

سرفصل‌ها

- نظریه اتمی
- ساختار مولکولی، پیوند و شکل
- انرژی و آنتالپی
- گازها
- خواص محلول
- تعادل
- اسیدها و بازها، سینتیک
- الکتروشیمی
- جایگزینی هسته دوستی
- واکنش‌های حذفی
- رادیکال‌های آزاد
- پلیمرها
- نرم‌افزارها: مدل‌سازی مولکولی
- بهینه‌سازی ساختار دارو، برهم‌کنش بین مولکولی، برهم‌کنش بازهای دی ان ای
- برهم‌کنش دارو و پروتئین

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- امتحان میان ترم: دوامتحان (هر کدام ۸ نمره)
- امتحان پایانی: تحویل و ارزیابی پروژه (۴ نمره)

- [1] M. Silberberg and P. Amateis. *Chemistry: The Molecular Nature of Matter and Change*. McGraw Hill, 8th Edition, 2017.
- [2] J. Smith. *Organic Chemistry*. McGraw Hill, 6th Edition, 2019.
- [3] Computational Chemistry Softwares.

عنوان درس به فارسی:		تحلیل شبکه‌های زیستی	
عنوان درس به انگلیسی:		Analysis of Biological Networks	
دروس پیش‌نیاز:		—	
دروس هم‌نیاز:		—	
تعداد واحد:		۳	تخصصی الزامی ☐ پایه ☐ نظری ☒ عملی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐ مهارتی ☐

هدف کلی

شبکه‌های بیولوژیکی یکی از زمینه‌های جدید است که در آن فرایندهای سلولی از طریق مدل‌سازی آن‌ها به صورت شبکه‌ای از برهم‌کنش‌های بین مولکول‌ها مورد مطالعه قرار می‌گیرند. تحلیل این شبکه‌ها شامل مسائل آماری و گراف‌ی با کاربردهای مهم در زیست‌شناسی است. درس جاری، روش‌های به روز برای این تحلیل‌ها را ارائه می‌دهد.

سرفصل‌ها

- مقدمه شبکه‌های زیستی
- آشنایی با گراف‌ها و شبکه‌های زیستی
- نظریه گراف
- آشنایی با ابزارهای تحلیل شبکه (Cytoscape)
- ویژگی‌های عمومی شبکه‌ها
- معیار مرکزیت (Centrality) شبکه
- موتیف‌های شبکه
- خوشه‌بندی شبکه
- شبکه‌های زیستی و انتقال سیگنال
- شبکه‌های تنظیم ژنی
- شبکه‌های برهم‌کنش پروتئینی
- شبکه‌های متابولیک
- شبکه‌های فیلوژنی
- شبکه‌های اکولوژیک
- شبکه‌های مغز
- شبکه‌های همبستگی

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- کوئیز: ۱۰٪
- تمرین: ۲۰٪
- پروژه: ۲۰٪
- آزمون میان‌ترم: ۲۵٪

• آزمون پایان ترم: ۲۵٪

منابع علمی پیشنهادی

- [1] Bjorn H. Junker and Falk Schreiber. *Analysis of Biological Networks*. John Wiley & Sons, 2008.
- [2] Steve Horvath. *Weighted Network Analysis: Applications in Genomics and System Biology*. Springer, 2011.

عنوان درس به فارسی:		طراحی محاسباتی دارو	
عنوان درس به انگلیسی:		Computational Drug Design	
دروس پیش نیاز:		—	
دروس هم نیاز:		—	
تعداد واحد:	۳		
تعداد ساعت:	۴۸		
نظری — عملی ☒ پایه ☐			
تخصصی الزامی ☐ تخصصی اختیاری ☒			
مهارتی ☐			

هدف کلی

یکی از موانع بزرگ در مسیر کشف دارو برای بیماری‌های جدید، طولانی و پرهزینه بودن چرخه کشف دارو است. همینطور بسیاری از داروها در مراحل پایانی مانند مطالعات بالینی با شکست روبرو می‌شوند. به این منظور تلاش‌های زیادی برای سرعت بخشیدن به این فرایند و همینطور افزایش احتمال موفقیت داروها صورت گرفته است. در این درس روش‌های محاسباتی به منظور تحلیل، طراحی، و کشف داروها برای رسیدن به اهداف ذکر شده، بررسی می‌شوند. ایده اصلی این روش‌ها طراحی اولیه داروها به صورت *in silico* یا بر مبنای آزمایش‌های توان بالا (high-throughput) است.

سرفصل‌ها

- مقدمه و تاریخچه
- ویژگی‌های مولکولی (Pharmacophores) و جستجوی داروها
- مدل رابطه ساختار-فعالیت کمی‌شده (QSAR)
- مفهوم Docking
- شبیه‌سازی
 - مکانیک و دینامیک مولکولی
 - ترمودینامیک و و محاسبات انرژی آزاد (Free Energy)
- روش‌های طراحی کتابخانه
- طراحی مولکول‌های کوچک De novo
- روش‌های غربال کردن (screening)
- طراحی پروتئین
 - معرفی روش‌های روز (مانند AlphaFold-2)
- مطالعات ADMET (Absorption، Distribution، Metabolism، Elimination، Toxicity)
- سنجه‌های توان‌بالا برای کشف دارو
 - سنجه‌های بیان ژن
 - سنجه‌های ریخت‌شناسی
 - سنجه‌های مبتنی بر زنده‌ماندن سلولی (PRISM)
- استفاده مجدد از دارو (Drug Repurposing)
- روش‌های مبتنی بر یادگیری ماشین

- [1] D. B. Singh. *Computer-Aided Drug Design*. Springer, 2020.
- [2] M. Gore, U. B. Jagtap. *Computational Drug Discovery and Design*. Springer, 2018.
- [3] R. Baron. *Computational Drug Discovery and Design*. Springer, 2012.
- [4] D. C. Young. *Computational Drug Design: A Guide for Computational and Medicinal Chemists*. Wiley, 2009.

عنوان درس به فارسی: طراحی و بهینه‌سازی شبکه‌های زیستی		عنوان درس به انگلیسی: Synthetic Biology	
نوع درس و واحد			
پایه ☐ نظری ☒		دروس پیش‌نیاز: -	
تخصصی الزامی ☐ عملی ☐		دروس هم‌نیاز: -	
تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐		۳	تعداد واحد:
مهارتی ☐		۴۸	تعداد ساعت:

هدف کلی

هدف از این درس آشنا ساختن دانشجویان با عملکرد سیستم‌های زیستی بر اساس مدل‌سازی آن با سیستم‌های دینامیکی در سطح مولکولی و سلولی است. بعنوان نمونه‌های اصلی این گونه سیستم‌ها، تمرکز درس بر روی مدل‌های ریاضی بیان ژن و سلول‌های عصبی خواهد بود. این درس دانشجویان را قادر می‌سازد که در تحلیل رفتارهای زیستی در سطح سلولی-مولکولی، از مدل‌های مناسب ریاضی استفاده نموده و بجای توصیف کیفی رفتارهای پایه، آنها را بصورت کمی مدل‌سازی نمایند. آشنایی با ساختارهای شبکه‌ای در تحلیل رفتار سیستم‌های زیستی نیز در این درس در این راستا صورت می‌پذیرد.

سرفصل‌ها

- آشنایی و کاربردها
- مروری بر بیولوژی مولکولی و سلولی
- مقدمه‌ای بر تکنیک‌های آزمایشگاهی برای دستیابی به داده‌های زیستی، شامل اندرکنش‌های پروتئین-پروتئین، آنالیز توالی ژنوم، آنالیز بیان ژن‌ها و پروتئین‌ها، آنالیز متابولوم و شارهای متابولیک
- مقدمه‌ای بر علوم سامانه‌ای (Systems Science) (دو جلسه)
 - مقایسه‌ی دو دیدگاه جزء نظر و کل نگر
 - اصول حاکم بر سامانه‌های زیستی
- مدل‌سازی ریاضی سیستم‌های زیستی
 - مدل بیان ژن: معادلات دیفرانسیل خطی برای واکنش‌های شیمیایی
 - مدل‌های زمانی و رگولاسیون خودکار
 - مدل سلول‌های عصبی: مدل انتگرال و آتش، مدل Hodgkin-Huxley
- مدل‌های غیر خطی و آنالیز صفحه فاز
- پایداری، Bifurcation, Bistability: کاربرد در مدل‌های تمایز
- سویچ‌های زیستی در مدل‌های ژنی و عصبی
- اسیلاتورهای زیستی
- تحلیل ساختاری شبکه‌های زیستی
 - محدودیت مدل‌های مبتنی بر نظریه گراف
 - تحلیل مبتنی بر قید شار متابولیک و شار اطلاعات در شبکه‌های زیستی
- تحلیل شبکه‌های متابولیک به منظور بهینه‌کردن تولید در فرایندهای بیوشیمیایی

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- آزمون میان‌ترم: ۲۵ درصد
- آزمون پایانی: ۳۵ درصد
- کوییز و تمرین: ۲۰ تا ۲۵ درصد
- پروژه: ۱۵ تا ۲۰ درصد

منابع علمی پیشنهادی

- [1] U. Alon. *An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits*. 2nd Edition, Chapman and Hall, 2019.
- [2] W. Gerstner et. al. *Neuronal Dynamics*. Cambridge University Press, 2014.
- [3] S. H. Strogatz. *Nonlinear Dynamics and Chaos: With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering*. Westview Press, 2014.
- [4] E. M. Izhikevich. *Dynamical Systems in Neuroscience*. MIT Press, 2007.
- [5] B. Alberts, et al. *Essential Cell Biology*. 3rd Edition, Garland Science, 2009.

پایگاه داده‌های بیوانفورماتیک		عنوان درس به فارسی:
نوع درس و واحد	Bioinformatics Database Systems	عنوان درس به انگلیسی:
پایه ☐ نظری ☒	—	دروس پیش‌نیاز:
تخصصی الزامی ☐ عملی ☐	—	دروس هم‌نیاز:
تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐	۳	تعداد واحد:
مهارتی ☐	۴۸	تعداد ساعت:

هدف کلی

توالی ژنوم انسانی و علاقه فراوان در تحلیل پروتئین‌ها و ساختار مولکولی باعث ایجاد نیاز به پایگاه داده‌های زیستی شده است. در این درس مروری از دسته وسیعی از پایگاه داده‌های زیستی به عمل آمده و قابلیت دانشجویان در استفاده از آن‌ها ایجاد خواهد شد. پایگاه داده‌هایی که معرفی خواهند شد عبارتند از پایگاه داده‌های ژنوم همانند GeneBank و Ensemble، همچنین پایگاه داده‌های پروتئین همانند PDB و SWISS-PORT خواهد بود. ابزار دسترسی به پایگاه داده‌ها همچنین ابزار پیدا نمودن ژن‌ها در این درس پوشش داده می‌شود. پایگاه داده‌های تخصصی مرور شده و طراحی و کاربردهای آن نیز بحث می‌شود.

سرفصل‌ها

- مقدمه‌ای بر پایگاه داده‌های زیستی
- آشنایی با داده پایگاه‌های توالی و ساختار نظیر NCBI, EMBL, PDB, Uniprot, String, Jaspas, ...
- دسترسی مستقیم و واکنشی و پردازش اطلاعات از داده پایگاه‌های بیوانفورماتیک
- تولید یک داده پایگاه بیوانفورماتیک
- اتصال داده پایگاه بیوانفورماتیک با سرویس‌های تحت وب
- استانداردهای ذخیره‌سازی و تبادل اطلاعات بین داده پایگاه‌های بیوانفورماتیک
- داده پایگاه‌های اطلاعات بیمارستانی
- انجام پروژه عملی

منابع علمی پیشنهادی

- [1] Kevin Byron, Katherine G. Herbert and Jason T. L. Wang. *Bioinformatics Database Systems*. CRC Press, 2016.
- [2] J. Y. Chen and A. S. Sidhu. *Biological Database Modeling*. Artech House, 2007.
- [3] D. Higgins and W. Taylor. *Bioinformatics: Sequence, Structure, and Databanks: A Practical Approach*. Oxford University Press, 2000.
- [4] S. Letovsky. *Bioinformatics: Database and Systems*. Kluwer Academic Press, 1999.
- [5] H. Garcia-Molina, J. D. Ullman and J. D. Widom. *Database Systems: The Complete Book*. Prentice Hall, 2001.

عنوان درس به فارسی:		فرایندهای تصادفی در بیوانفورماتیک	
عنوان درس به انگلیسی:		Stochastic Processes in Bioinformatics	
نوع درس و واحد			
دروس پیش نیاز:		—	
دروس هم نیاز:		—	
تعداد واحد:		۳	تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	مهارتی ☐

هدف کلی

مدل سازی دقیق بسیاری از فرایندهای دنیای واقعی (شامل فرایندهای بیولوژیکی و بیوشیمیایی) به دلیل پیچیدگی ذاتی و پویایی آن ها امکان پذیر نیست. همچنین استفاده از مدل های غیر تصادفی (مانند معادلات دیفرانسیل) امکان توصیف بسیاری از پدیده های زیستی پویا را سلب می کند. مدل سازی تصادفی یکی از راهکارهایی است که معمولاً در حل این مشکل استفاده می شود. در این درس انواع فرایندهای تصادفی که در مدل سازی این سیستم ها کاربرد دارند معرفی می شوند. در پایان این درس انتظار می رود که دانشجویان مهارت و دانش مورد نیاز برای به کار بردن و تحلیل مدل های مناسب برای حل مسائل دنیای واقعی در این مسائل را کسب کنند.

سرفصل ها

- مفاهیم پایه ای آمار و فرایندهای تصادفی
 - مرور آمار و احتمال
 - فرایند تصادفی چیست؟
 - فرایندهای ایستا
 - فرایندهای ارگودیک
- آشنایی با فرایندهای گسسته زمان مارکوف
 - دسته بندی حالت ها
 - معادله Chapman-Kolmogorov
 - احتمالات حدی حالت ها، احتمال ایستای حالت ها و تساوی آن ها
- کاربردهای پیشرفته تر مدل های مارکوف گسسته زمان
 - کاربردهای مدل مارکوف (Genetic Inbreeding Problem)
 - مسئله Gambler's Ruin
 - فرایندهای تولد-مرگ
 - مدل های اپیدمی و انتشار SIS
 - فرایندهای شاخه ای
 - مدل سازی رشد باکتری ها با فرایندهای شاخه ای
- مدل های مارکوف پیوسته زمان
 - معرفی و توصیف

- نمونه برداری (الگوریتم Gillespie)
- معادلات دیفرانسیل پیش‌رو و پس‌رو Kolmogorov
- مدل‌سازی شبکه واکنش‌های (بیو) شیمیایی با مدل‌های مارکوف پیوسته زمان
- حرکت بروانی
- انتگرال Ito
- تخمین Diffusion
- حل عددی معادلات دیفرانسیل

منابع علمی پیشنهادی

- [1] Linda J. S. Allen. *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*. Prentice Hall, 2003.
- [2] David F. Anderson. *Introduction to Stochastic Processes with Applications in the Biosciences*. University of Wisconsin at Madison, 2011.
- [3] Ruth Baker and Hilary Term. *Stochastic Modelling of Biological Processes Lecture Notes*. University of Oxford, 2017.

عنوان درس به فارسی:		یادگیری عمیق	
عنوان درس به انگلیسی:		Deep Learning	
نوع درس و واحد			
دروس پیش نیاز:		—	
دروس هم نیاز:		—	
تعداد واحد:		۳	تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	مهارتی ☐

هدف کلی

هدف این درس آشنا نمودن دانشجویان با مفاهیم و اصول رایانش عصبی و کاربرد این رویکرد در حل انواع مسائل است. این درس علاوه بر آموزش مفاهیم اصلی رایانش عصبی، بر روی شبکه‌های عمیق و جدیدترین یافته‌ها در این زمینه تمرکز خواهد کرد.

سرفصل‌ها

- معرفی رایانش عصبی: تعریف و انگیزه، تاریخچه، روش‌های پیاده‌سازی، کاربردها
- شبکه‌های جلورو: گراف شبکه، واحدهای پردازشگر پرسپترون و آدالین، شبکه‌های چندلایه، قدرت حفظ و تعمیم
- شبکه‌های جلورو: قانون پسانتشار خطا، روش‌های مختلف آموزش شبکه، کاربرد در پیش‌بینی سری‌های زمانی
- یادگیری رقابتی و نقشه‌ویژگی خودسازمانده، نقشه‌های ویژگی خودسازمانده متکامل شونده
- شبکه پیچشی و توسعه‌های آن، شبکه باقیمانده‌ای، شبکه متراکم
- شبکه‌های خودکدگذار: شبکه‌های خودکدگذار پایه، تنظیم شده، تنک، نویزگیر، نویزگیر پشته‌ای و انقباضی
- مدل‌های مولد: شبکه خودکدگذار تغییراتی، شبکه مولد تقابلی، مدل‌های پخشی
- شبکه‌های بازرخدادی: واحد بازرخدادی معمولی، حافظه کوتاه-مدت بلند، واحد بازرخدادی دروازه‌دار
- شبکه‌های بازرخدادی: معماری‌ها، شبکه‌های المن، جردن، بازگشتی کامل، کاربرد در پیش‌بینی سری‌های زمانی
- ماشین بولتزمن و توسعه‌های آن: ماشین بولتزمن، ماشین بولتزمن محدود، شبکه‌های باور عمیق
- مکانیزم توجه: انواع توجه، مدل ترانسفورمر، برت، جی-پی-تی
- یادگیری تقویتی عمیق: معرفی یادگیری تقویتی، شبکه‌های عصبی عمیق در یادگیری تقویتی، کاربردهای نمونه

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- تمرین‌ها و پروژه‌ها: ۵۰ درصد نمره
- گزارش مطالعاتی: ۲۰ درصد نمره
- آزمون پایان نیم‌سال: ۳۰ درصد نمره

- [1] I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville. *Deep Learning*. MIT Press, 2016.
- [2] A. Zhang, Z. C. Lipton, M. Li and A. J. Smola. *Dive into Deep Learning*. 2021.
- [3] S. Samarasinghe. *Neural Networks for Applied Sciences and Engineering*. Taylor & Francis, 2006.
- [4] S. Haykin. *Neural Networks and Learning Machines*. Prentice-Hall, 2009.

عنوان درس به فارسی:		مدل های گرافی احتمالی	
عنوان درس به انگلیسی:		Probabilistic Graphical Models	
نوع درس و واحد			
دروس پیش نیاز:		—	
پایه ☐ نظری ☒			
دروس هم نیاز:		—	
تخصصی الزامی ☐ عملی ☐			
تعداد واحد:		۳	تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	مهارتی ☐

هدف کلی

مدل های گرافی احتمالی چارچوبی متداول برای مدل سازی توزیع احتمال توأم متغیرهای تصادفی هستند که در آن ها از گراف های پارامتری شده برای بازنمایی فشرده و گویای توزیع های احتمالاتی و روابط استقلال میان متغیرهای تصادفی استفاده می شود. در این درس، روش های مختلف ارائه، استنتاج دقیق و تقریبی، و نیز یادگیری ساختار و پارامترهای مدل های احتمالاتی گرافی آموزش داده می شود. همچنین، کاربرد این مدل ها در پردازش متن، صوت، و تصویر و نیز در حوزه بیوانفورماتیک مورد بررسی قرار می گیرد.

سرفصل ها

- مقدمات نظریه احتمال و نظریه گراف
- شبکه های بیزی جهت دار
- شبکه های مارکوفی بدون جهت
- روش های ارائه کلیشه ای: مدل های زمانی، شبکه های بیزی پویا، مدل مخفی مارکوف، مدل های شیء-رابطه
- روش های استنتاج دقیق: حذف متغیر، درخت های کلیک، انتقال پیام، جمع-ضرب، انتشار باور
- روش های استنتاج تقریبی: نمونه برداری، استنتاج مبتنی بر ذره، MCMC، الگوریتم های استنتاج تغییراتی
- روش های یادگیری پارامتر: تقریب بیشینه درست نمایی، تقریب پارامتر بیزی
- روش های یادگیری ساختار: روش های مبتنی بر قید، روش های مبتنی بر امتیاز
- کاربردها

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- تمرین ها و پروژه: ۳۰ درصد نمره
- آزمون های میان ترم و پایانی: ۶۰ درصد نمره
- پروژه پژوهشی: ۱۰ درصد نمره

منابع علمی پیشنهادی

- [1] D. Koller and N. Friedman. *Probabilistic Graphical Models: Principles and Techniques*. MIT press, 2009.
- [2] K. P. Murphy. *Machine Learning: A Probabilistic Perspective*. MIT Press, 2012.
- [3] C. M. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2006.

عنوان درس به فارسی:		معماری سیستم‌های کلان داده	
عنوان درس به انگلیسی:		Architecture of Big-Data Systems	
دروس پیش‌نیاز:		—	
دروس هم‌نیاز:		—	
تعداد واحد:		۳	تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	مهارتی ☐ پایه ☐ نظری ☒

هدف کلی

هدف این درس، آشنا کردن دانشجویان کارشناسی ارشد و دکترا با مفاهیم و مسائل مطرح در طراحی و ساخت سامانه‌های بزرگ مبتنی بر داده هستند. عموم این سامانه‌ها با حجم بزرگی از داده‌ها سر و کار دارند که انواع مختلفی دارند. در این درس نحوه حل مسائل و چالش‌های مختلفی که در این سامانه‌ها اتفاق می‌افتند آموزش داده می‌شوند.

سرفصل‌ها

- سیستم‌های قابل اطمینان، مقیاس‌پذیر و قابلیت نگهداری
- مدل‌های داده و زبان‌های پرس و جو مانند NoSQL و ...
- ذخیره‌سازی و بازیابی به کمک انواع ساختارهای داده
- کدگذاری (به کمک XML، JSON و ...) و تکامل در جریان داده‌ها
- تکثیر: رهبران و پیروان، تأخیر تکثیر، تکثیر با چند رهبر، تکثیر بدون رهبر
- تقسیم‌بندی: ارتباط با تکثیر، داده‌های کلید-مقدار، نمایه‌سازی‌های ثانویه، و ...
- تراکنش‌ها: سطوح ضعیف ایزوله‌سازی و قابلیت سریال‌سازی (اجرای سریال واقعی، PL۲، SSI)
- مشکلات سامانه‌های توزیع‌شده، ثبات و اجماع: ضمانت‌های ثبات، خطی‌سازی سیستم‌ها، ضمانت سفارش و ...
- پردازش دسته‌ای و جریانی
- سایر مباحث مهم مانند CI/CD و DevOps

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- آزمون: آزمون‌های میان‌نیم‌سال و پایان‌نیم‌سال (۴۰ درصد نمره)
- تمرین و پروژه: سه تمرین تئوری و یک پروژه عملی که در طول نیم‌سال تحویل داده می‌شوند (۴۰ درصد نمره).
- گزارش پژوهشی: موضوع پژوهش قبل از آزمون پایان‌نیم‌سال تعیین می‌شود. دانشجو کار پژوهش را با کمک استاد درس آغاز کرده و پس از انجام کار، نتیجه پژوهش را در قالب گزارش ارائه می‌دهد (۲۰ درصد نمره).

منابع علمی پیشنهادی

- [1] M. Kleppmann. *Designing data-intensive applications: The big ideas behind reliable, scalable, and maintainable systems*. O'Reilly, 2017.

عنوان درس به فارسی: امنیت و حریم خصوصی داده		عنوان درس به انگلیسی:
نوع درس و واحد	Data Security and Privacy	
پایه ☐ نظری ☒	–	دروس پیش نیاز:
تخصصی الزامی ☐ عملی ☐	–	دروس هم نیاز:
تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐	۳	تعداد واحد:
مهارتی ☐	۴۸	تعداد ساعت:

هدف کلی

این درس دربرگیرنده موضوعات مربوط به امنیت و حریم خصوصی داده است. برای این منظور، مدل‌ها و معماری رابطه‌ای امن و نیز رویه‌های صحت و محرمانگی اطلاعات در پایگاه‌های داده بیان می‌شوند. همچنین، چالش‌های جدید مانند استنتاج داده، حریم خصوصی داده، و راه کارهای مربوط به آن‌ها مورد بررسی قرار می‌گیرند.

سرفصل‌ها

- مقدمه: مقدمه‌ای بر پایگاه‌های داده، نیازها و مکانیزمهای امنیت داده، انواع مدل‌های امنیتی
- کنترل دسترسی اختیاری داده‌ها: روش‌های پایه ماتریسی، کنترل دسترسی Take-Grant، مدل اعطای اختیار در System R و گسترش آن،
- کنترل دسترسی در پایگاه‌داده‌های جدید: شیء‌گرا (مدل ORION)، XML و NoSQL
- کنترل دسترسی اجباری پایگاه داده‌ها: مدل رابطه‌ای امن چندسطحی، مدل جاجودیا-سندهو
- مدل‌های کنترل دسترسی نقش-مبنا و مدیریت آن‌ها: انواع مدل‌های نقش-مبنا، مدل مدیریت کنترل دسترسی نقش-مبنا
- پایگاه‌های داده آماری و مسئله استنتاج داده: انواع استنتاج، مدل، انواع حملات استنتاج و روشهای مقابله (مفهومی، محدودساز، اعوجاج گرا)
- حریم خصوصی: تعریف و ماهیت، انواع، اصول، پایگاه داده بقراطی
- مدل‌های گمنامی برای حریم خصوصی: حملات استنتاج در انتشار داده (مدل گمنامی مرتبه k، حملات به مدل گمنامی مرتبه k، مدل گمنامی تنوع مرتبه L، حریم خصوصی تفاضلی
- حریم خصوصی در شبکه‌های اجتماعی و سرویس‌های مکان محور
- طراحی پایگاه داده امن: معماری‌های DBMS امن، مکانیزم‌ها و مدل‌های صحت
- امنیت در محصولات تجاری

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- تمرین‌ها و پروژه: ۳۰ درصد نمره
- آزمون‌های میان‌ترم و پایانی: ۵۰ درصد نمره
- پروژه پژوهشی: ۲۰ درصد نمره

- [1] M. G. Fugini, S. Castano, and G. Martella. *Database Security*. ACM Press, 1994.
- [2] M. Gertz, S. Jajodia. *Handbook of Database Security: Applications and Trends*. Springer, 2007.
- [3] M. Abrams, S. Jajodia, H. Podell. *Information Security: An Integrated Collection of Essays*. IEEE Computer Society Press, 1995.
- [4] D. Denning. *Cryptography and Data Security*. Addison-Wesley, 1982.
- [5] E. Bertino, G. Ghinita and A. Kamra. *Access Control for Databases: Concepts and Systems*. Foundations and Trends in Databases: Vol. 3: No. 1-2, pp 1-148, 2011.

عنوان درس به فارسی:		اصول و تکنیک‌ها در علم داده	
عنوان درس به انگلیسی:		Principles and Techniques in Data Science	
نوع درس و واحد			
پایه ☐ نظری ☒		—	
تخصصی الزامی ☐ عملی ☐		—	
تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐		۳	تعداد واحد:
مهارتی ☐		۴۸	تعداد ساعت:

هدف کلی

هدف این درس، آشنایی دانشجویان با مفاهیم اولیه و ابزارهای موردنیاز برای کار با مسائل مختلف در حوزه علم داده است. برای این منظور، دانشجویان با اصول و گام‌های ارائه راه کارهای داده‌محور هم‌چون تحلیل و مصورسازی داده‌ها، مدل‌سازی آماری و تصمیم‌گیری در شرایط نامعین آشنا می‌شوند و با به‌کارگیری این روش‌ها به صورت عملی در مسائل واقعی، با چالش‌های به‌کارگیری این روش‌ها در دنیای واقعی آشنا می‌شوند. همچنین دانشجویان با آداب مسائل اخلاقی در حوزه علم داده آشنا می‌شوند.

سرفصل‌ها

- آشنایی با چرخه عمر علم داده (تولید، جمع‌آوری و تجمیع داده‌ها)
- تمیز کردن داده
- تحلیل اکتشافی و مصورسازی داده
- آفت‌های تحلیل‌های داده (بایاس در داده‌ها، ناکافی بودن ویژگی‌ها، تشخیص همزمانی از علّیت)
- آشنایی با گام‌های مدل‌سازی (تابع هزینه، یادگیری پارامترهای مدل، پیش‌بینی، نظریه تصمیم)
- استنتاج آماری، یادگیری مدل به کمک نظریه تخمین، پیش‌بینی به کمک مدل‌های آموزش داده شده
- روش‌های دسته‌بندی و نحوه ارزیابی آن‌ها
- مقدمه‌ای بر MLOps: یادگیری انتهابه‌انتهای یادگیری مداوم، تغییر داده، تغییر مفهوم، فروشگاه ویژگی، خط‌لوله
- آداب در علوم داده (مالکیت داده و حریم خصوصی، شفافیت داده، عدم تبعیض و ...)

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- آزمون: آزمون‌های میان‌نیم‌سال و پایان‌نیم‌سال (۴۰ درصد نمره)
- تمرین و پروژه: سه تمرین نظری و عملی و یک پروژه که در طول نیم‌سال تحویل داده می‌شوند (۴۰ درصد نمره).
- گزارش پژوهشی: موضوع پژوهش قبل از آزمون پایان نیم‌سال تعیین می‌شود. دانشجو کار پژوهش را با کمک استاد درس آغاز کرده و پس از انجام کار، نتیجه پژوهش را در قالب گزارش ارائه می‌دهد (۲۰ درصد نمره).

- [1] J. Grus. *Data Science from Scratch*. O'Reilly, 2019.
- [2] G. James, D. Witten, T. Hastie, and R. Tibshirani. *An Introduction to Statistical Learning*. Springer, 2017.
- [3] W. McKinney. *Python for Data Analysis*. O'Reilly, 2012.
- [4] H. Luegenbiehl and R. Clancy. *Global Engineering Ethics*. Elsevier, 2017.
- [5] K. Davis. *Ethics of Big Data: Balancing risk and innovation*. O'Reilly, 2012.

عنوان درس به فارسی:		تحلیل سری‌های زمانی	
عنوان درس به انگلیسی:		Time Series Analysis	
دروس پیش‌نیاز:		–	
دروس هم‌نیاز:		–	
تعداد واحد:		۳	تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	مهارتی ☐

هدف کلی

بسیاری از نیازمندی‌های دنیای واقعی را می‌توان به صورت فرایندهای تصادفی مدل‌سازی کرد. در این مسائل، انواع تحلیل، مانند توصیف، پیش‌بینی کمک شایانی به تصمیم‌گیری‌های هوشمند می‌کند. در این درس، با انواع سری‌های زمانی و کاربردهای آن و همچنین تحلیل‌های مرتبط آشنا می‌شویم.

سرفصل‌ها

- مرور آمار و احتمال و فرایندهای تصادفی
- مقدمات سری‌های زمانی (مدل‌های اولیه و تابع خودهمبستگی)
- آشنایی با مدل‌های متوسط متحرک خود رگرسیون (ARMA) و ARIMA
- مدل‌های فصلی (seasonal)، روش‌های نرم کردن (smoothing) و تجزیه (Decomposition)
- تحلیل مداخله (Intervention Analysis)
- تحلیل داده‌های Longitudinal
- مدل‌های خود رگرسیون برداری و مدل ARCH
- روش‌های تحلیل غیرپارامتری و تخمین طیفی توزیع
- مدل‌های حافظه‌دار ARIMA
- روش‌های یادگیری ماشین مرتبط (مانند LSTM، CNN و ترنسفررها)

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- تمرین‌های نظری: ۳ نمره
- آزمون‌های میان‌ترم و پایانی: ۱۵ نمره
- آزمونک‌ها: ۲ نمره

منابع علمی پیشنهادی

- [1] R. H. Shumway and D. S. Stoffer. *Time Series Analysis and Its Applications With R Examples*. 4th Edition, Springer, 2012.

عنوان درس به فارسی:		مدل های بنیادی در بیوانفورماتیک	
عنوان درس به انگلیسی:		Fundamental Models in Bioinformatics	
نوع درس و واحد			
دروس پیش نیاز:		—	
دروس هم نیاز:		—	
تعداد واحد:		۳	تخصصی اختیاری ☒ نظری-عملی ☐
تعداد ساعت:		۴۸	مهارتی ☐

هدف کلی

هدف این درس آشنایی با مدل های بنیادی و کاربردهای آن ها در بیوانفورماتیک است. دانشجویان با انواع مدل های بنیادی پایه، اعم از مولد و یادگیری نمایش آشنا می شوند و کاربردهای این مدل ها در حل مسائل بیوانفورماتیک را می آموزند. به صورت خاص، مدل های زبانی بزرگ، مدل های پردازش ژنوم، پیش بینی ساختار پروتئین، و کشف دارو از این جمله است. همچنین، این درس بر کاربردهای عملی هوش مصنوعی در تجزیه و تحلیل داده های زیستی، پزشکی شخصی سازی شده، و یکپارچه سازی داده های چندوجهی تمرکز دارد. در نهایت، دانشجویان با انجام پروژه های عملی، مهارت های لازم برای استفاده از مدل های بنیادی در مسائل واقعی بیوانفورماتیک را کسب خواهند کرد.

سرفصل ها

- مقدمه ای بر مدل های بنیادی
- آشنایی با مدل های مولد مانند LLM ها
- آشنایی با مدل های یادگیری نمایش مانند انواع BERT
- آشنایی با مدل های گراف دانش در کاربردهای بیوانفورماتیک
- آشنایی با مدل های بنیادی تصویری مانند DiNO
- آشنایی با مدل های چندوجهی، مانند زبانی-تصویری (مدل CLIP و مدل های MLLM)
- آشنایی با عامل های مبتنی بر مدل های مولد (LLM Agents)
- تحلیل داده های ژنومی با استفاده از مدل های بنیادی
- پیش بینی ساختار پروتئین و مهندسی پروتئین (مانند AlphaFold و ESM)
- استفاده از مدل های بنیادی در کشف دارو و مدل سازی مولکولی (مانند ChemBERT)
- زیست شناسی سامانه ای و رویکردهای مبتنی بر شبکه در بیوانفورماتیک
- مدل های چندوجهی برای دادگان تک سلول ها (single cell) ادغام داده های آمیکس (مانند scGPT)
- کاربرد مدل های بنیادی در پاتولوژی و رادیولوژی (مانند PathCLIP)

روش ارزشیابی (پیشنهادی)

- تمرین ها و پروژه: ۳۰ درصد نمره
- آزمون های میان ترم و پایانی: ۷۰ درصد نمره

- [1] Shui Qing Ye, ed. *Big data analysis for bioinformatics and biomedical discoveries*. CRC Press, 2016.
- [2] Michael Snyder. *Genomics and Personalized Medicine: What Everyone Needs to Know*. Oxford University Press, 2016.