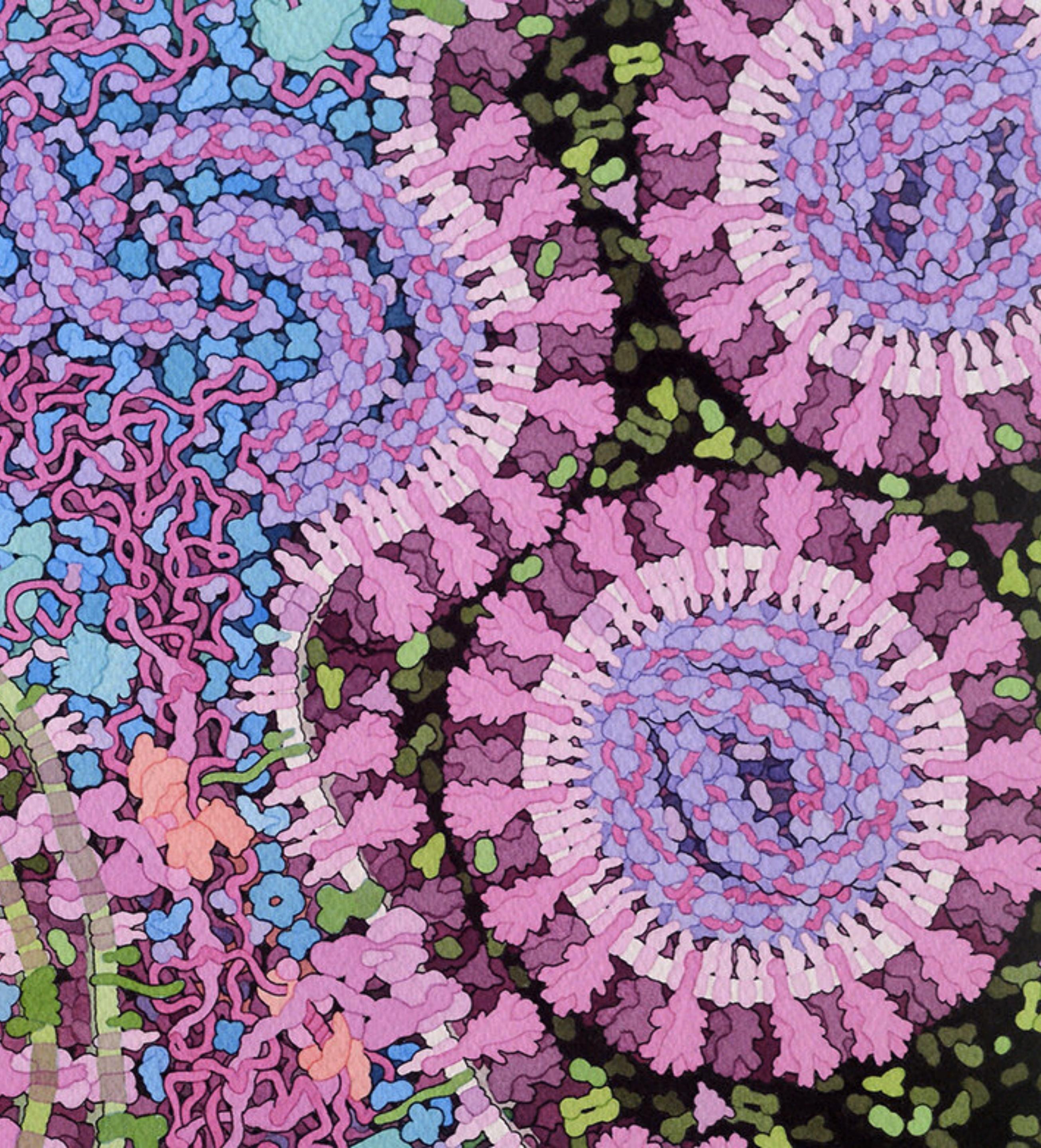


بسم الله الرحمن الرحيم

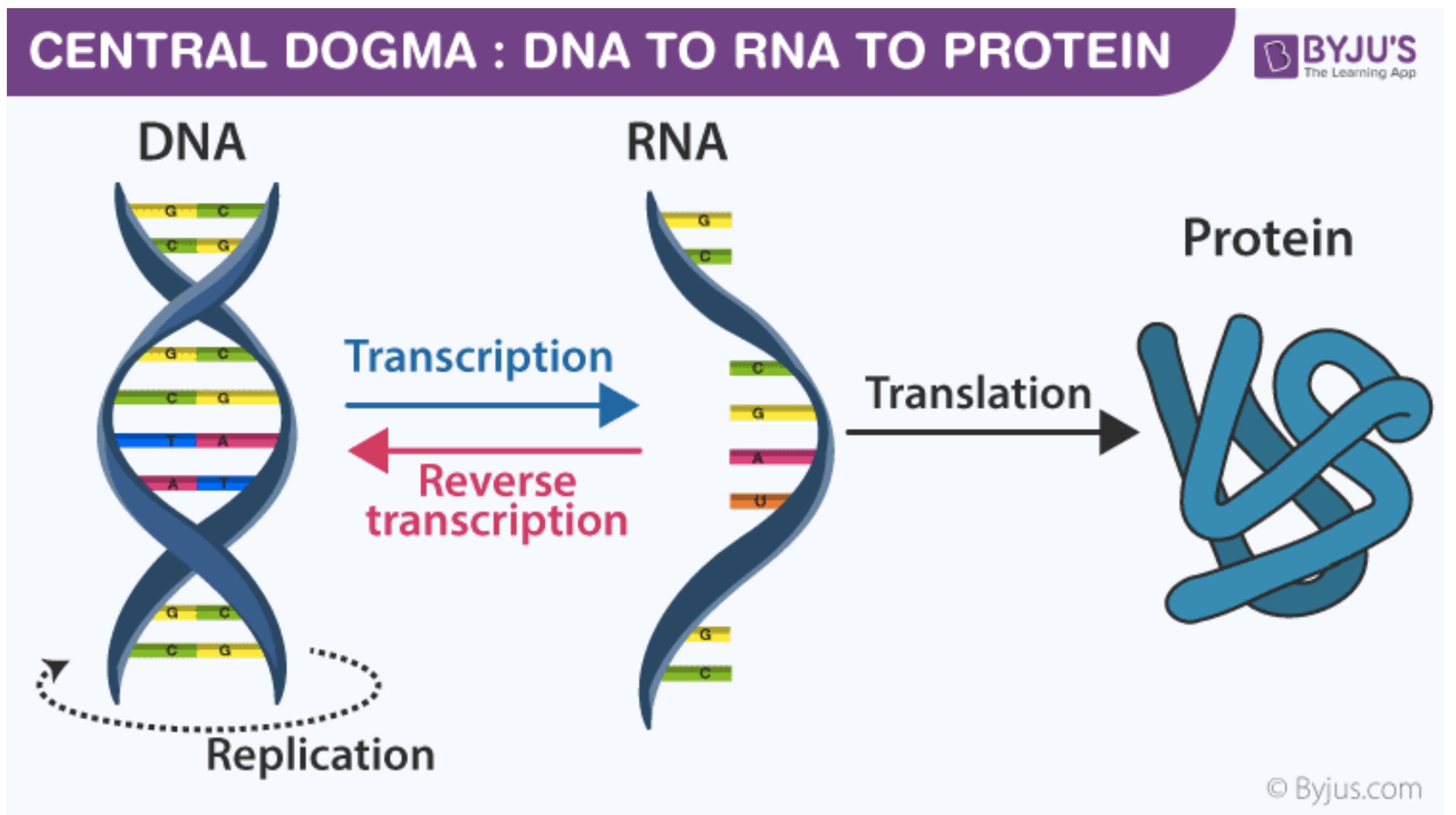
ڙنوميڪ محاسباتي

جلسه ۱: معرفی

ترم پايزز ۱۴۰۱-۱۴۰۰



مطالب درس



نیمه اول

- مدل‌های تکاملی رشته‌های زیستی

- ساخت درخت فیلوژنی

- همردیفی‌های چندگانه

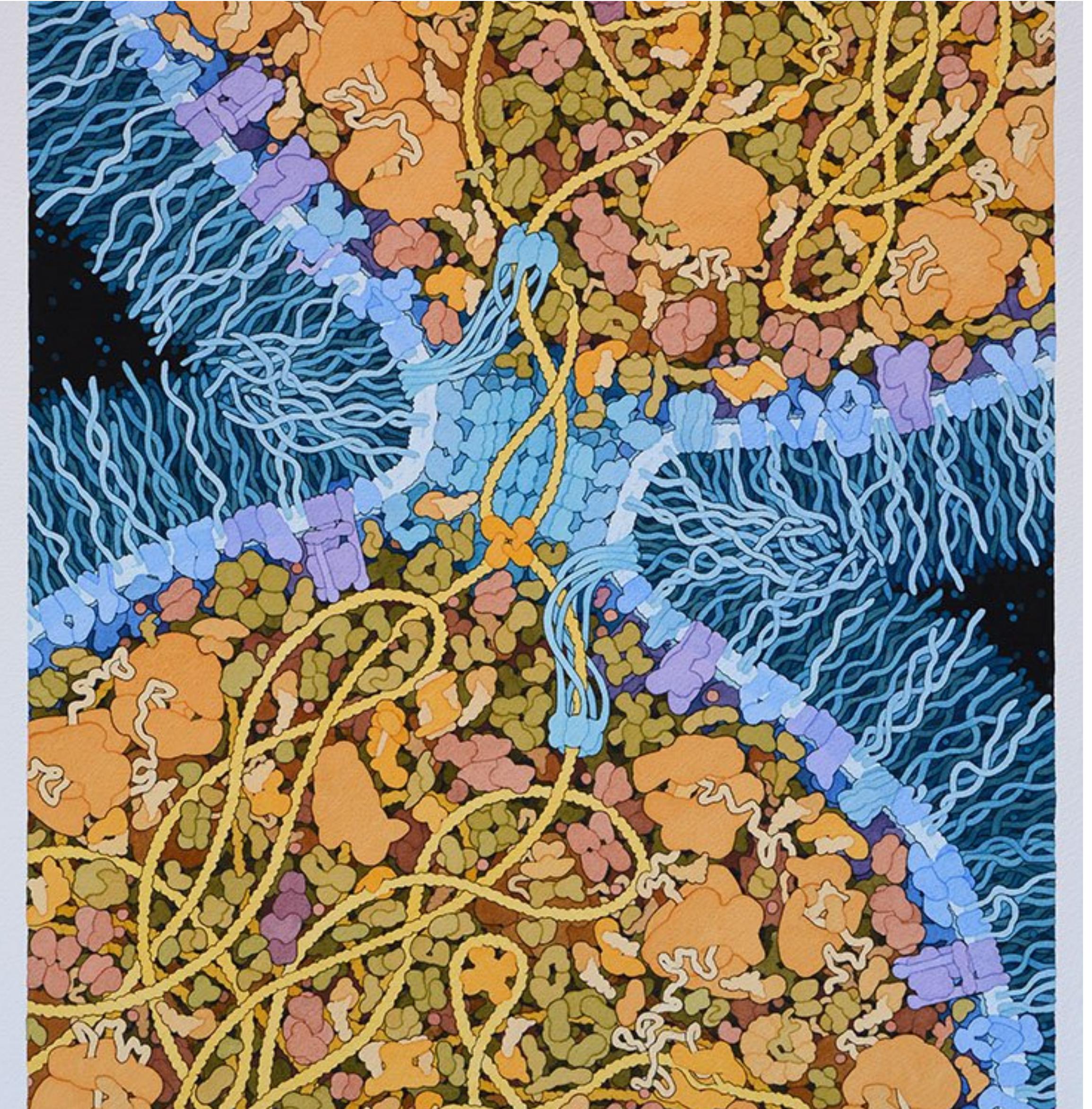
نیمه دوم

- ژنتیک جمعیت

- مقایسه ژنوم در سطح موجودات

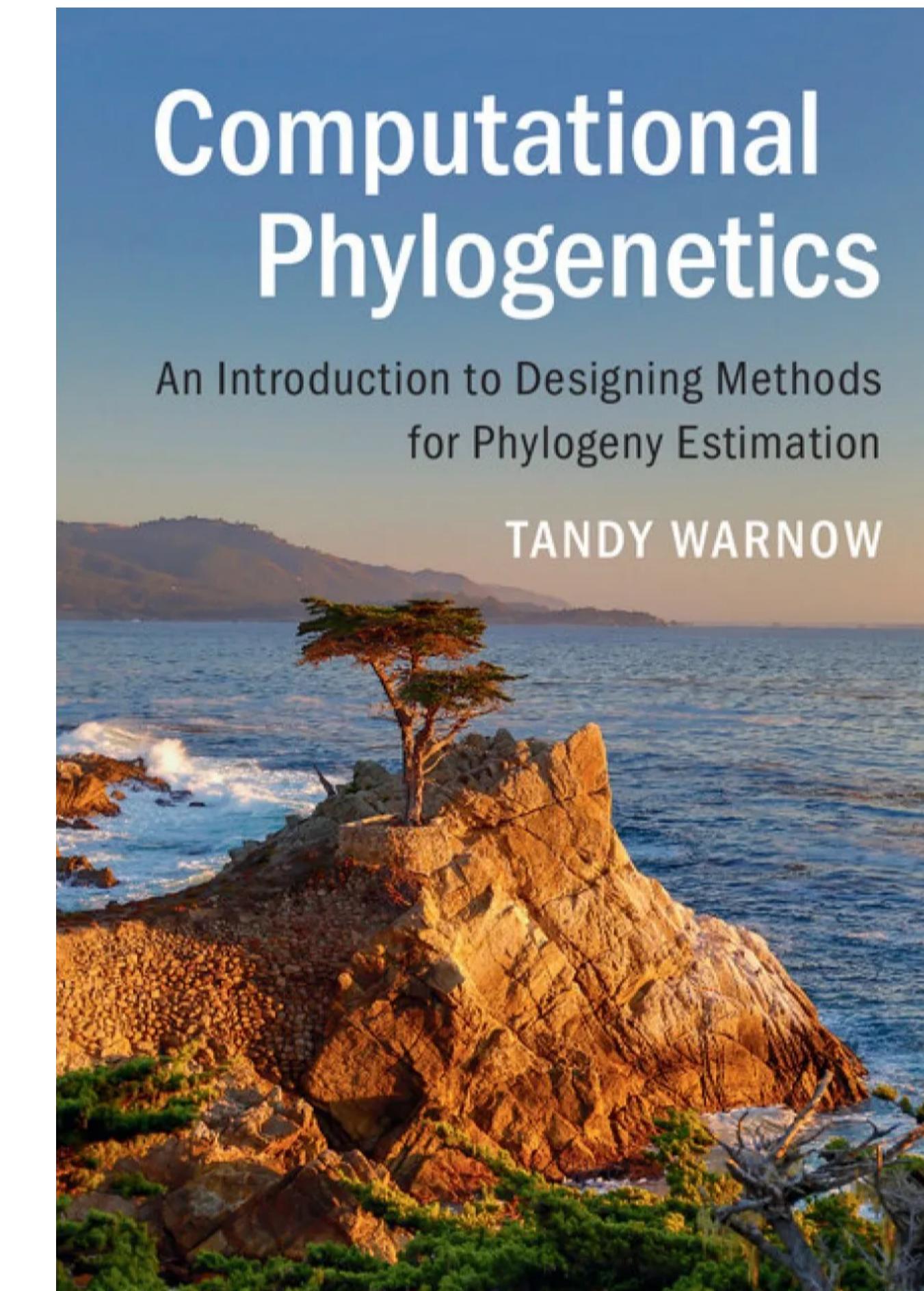
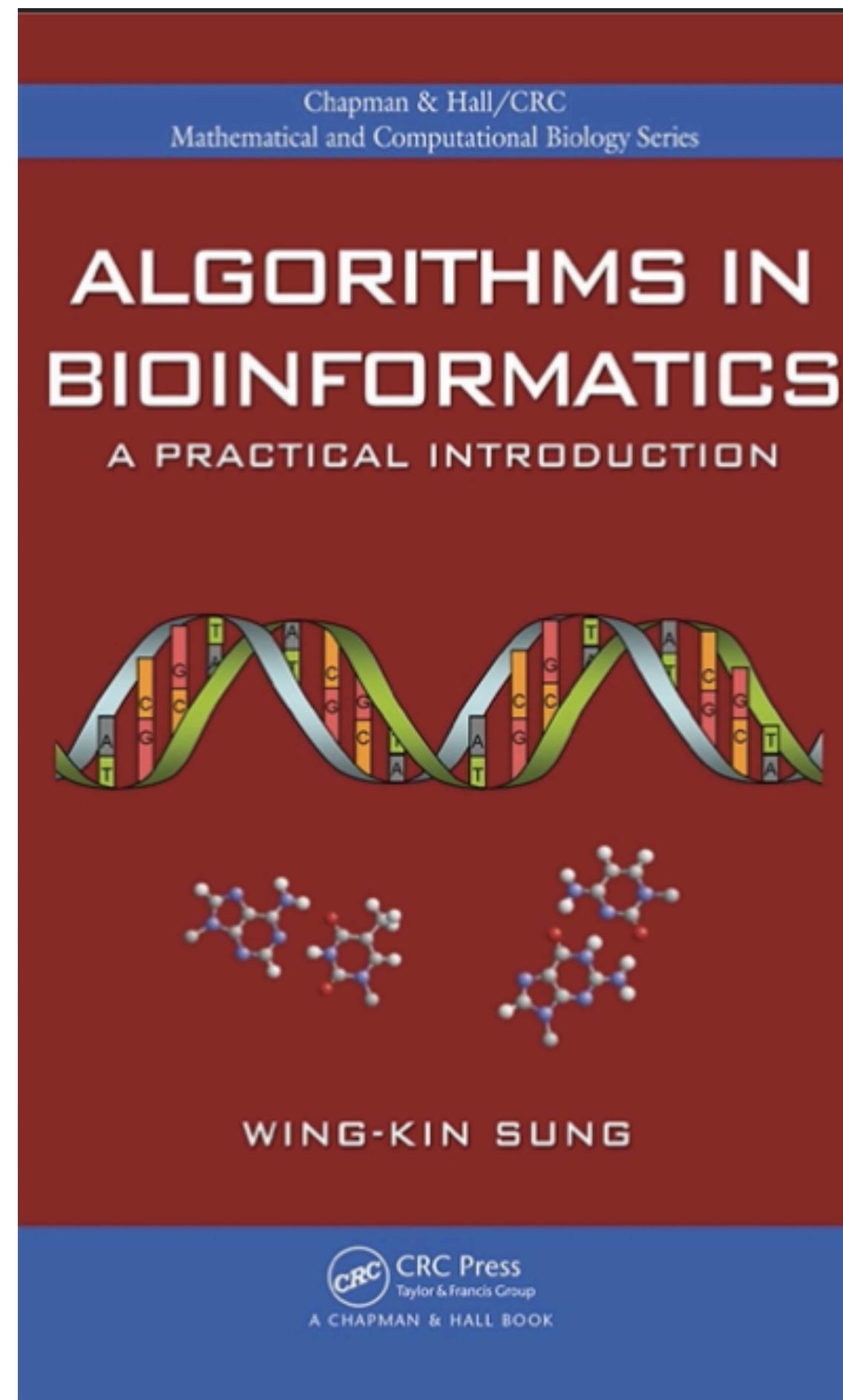
- مطالعه در گسترده ژنوم GWAS

سه نوع برخورد

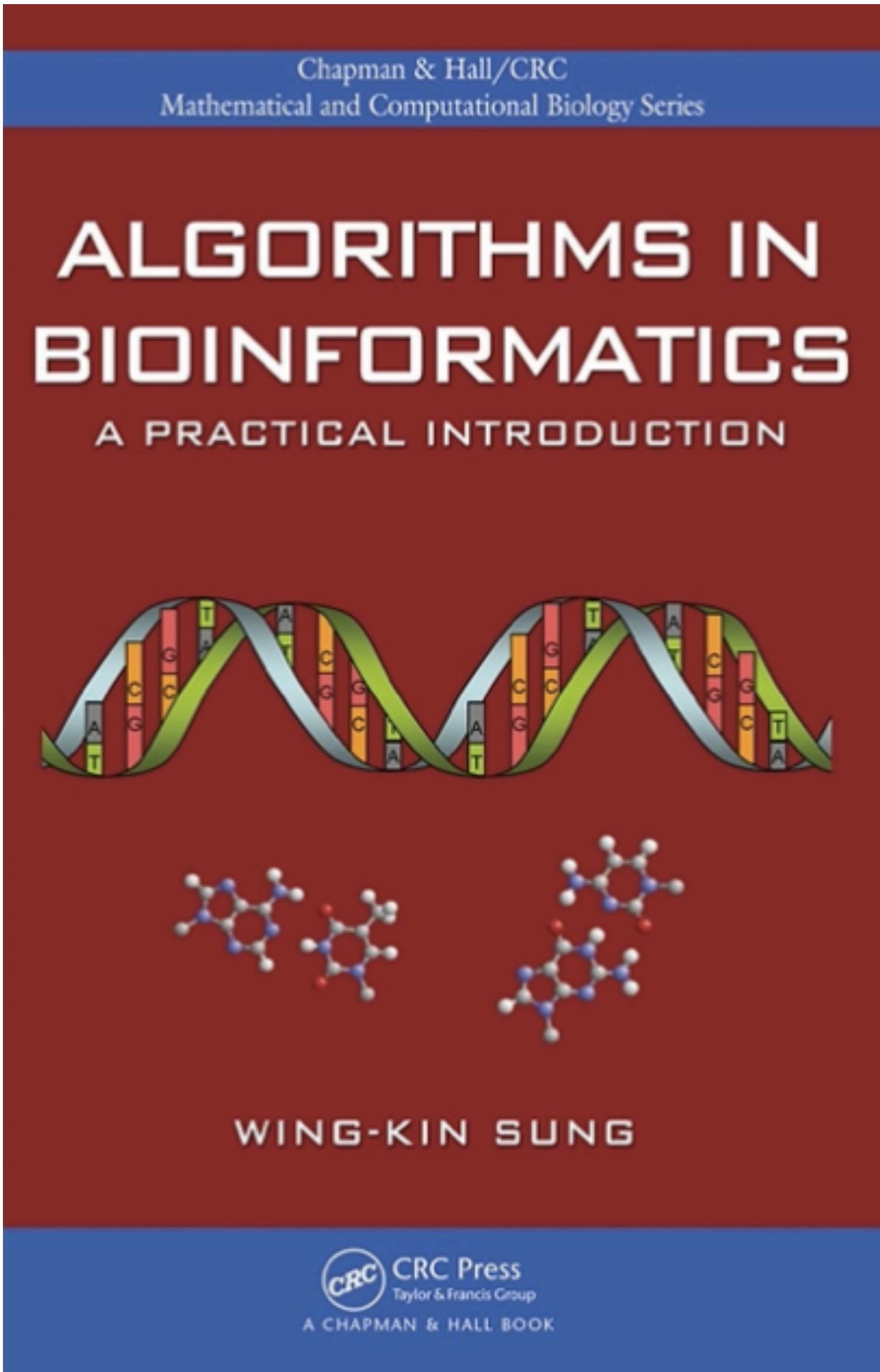


- ابزار
- مهندسی نرم افزار
- کارآگاهی

منابع درس (نیمه اول)

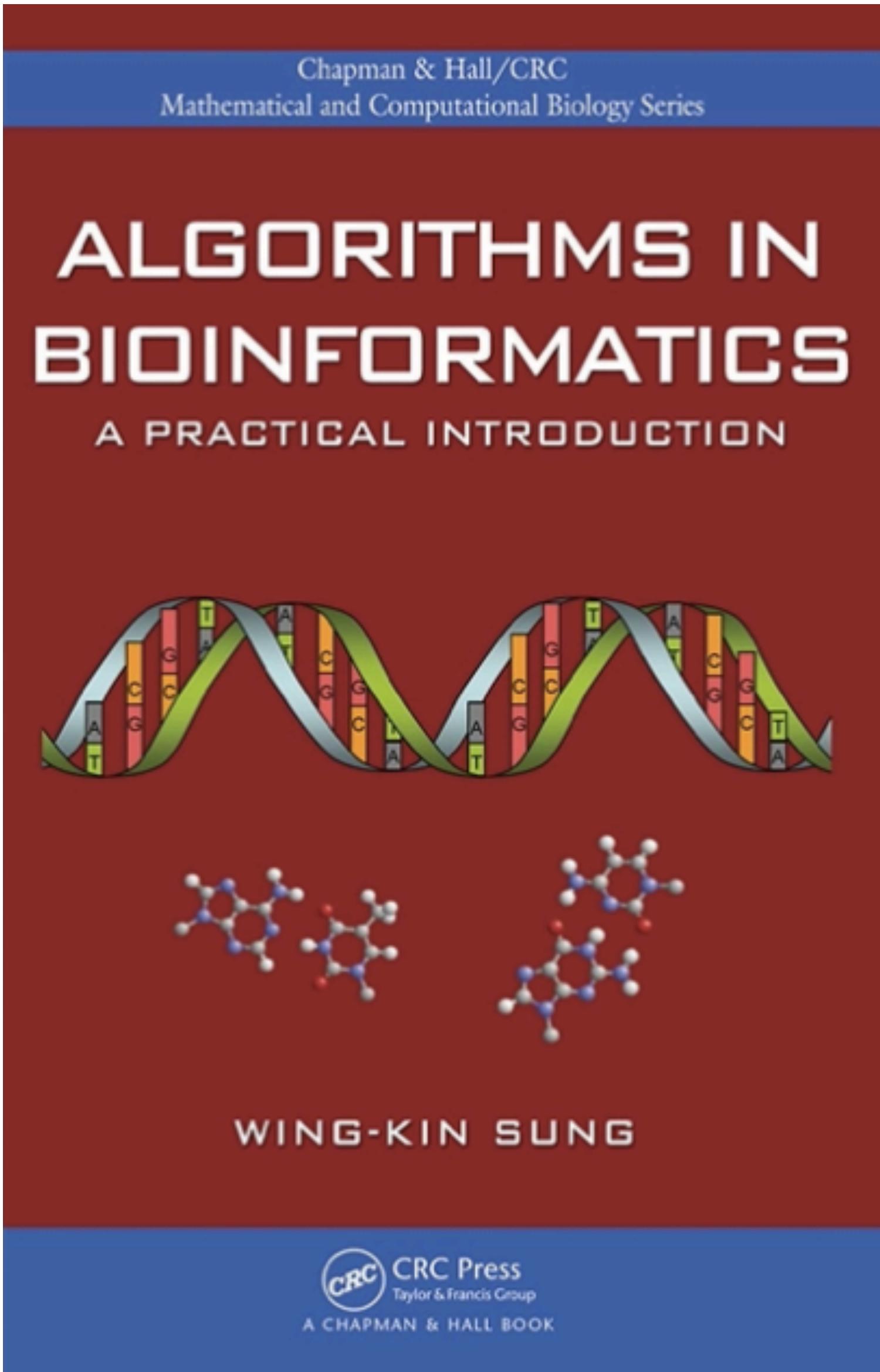


منابع درس



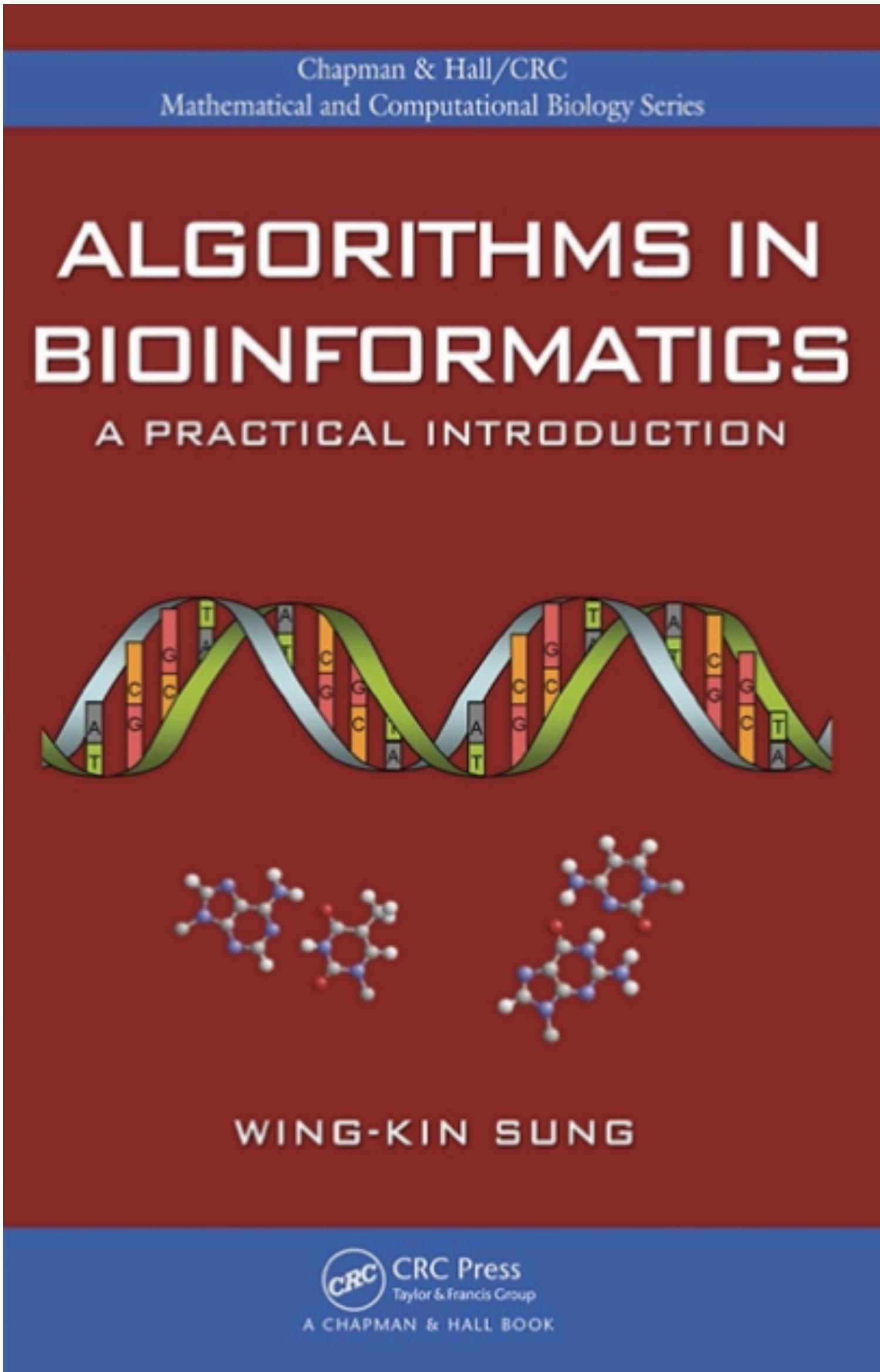
2 Sequence Similarity	29
2.1 Introduction	29
2.2 Global Alignment Problem	30
2.2.1 Needleman-Wunsch Algorithm	32
2.2.2 Running Time Issue	34
2.2.3 Space Efficiency Issue	35
2.2.4 More on Global Alignment	38
2.3 Local Alignment	39
2.4 Semi-Global Alignment	41
2.5 Gap Penalty	42
2.5.1 General Gap Penalty Model	43
2.5.2 Affine Gap Penalty Model	43
2.5.3 Convex Gap Model	45
2.6 Scoring Function	50
2.6.1 Scoring Function for DNA	50
2.6.2 Scoring Function for Protein	51
2.7 Exercises	53

منابع درس



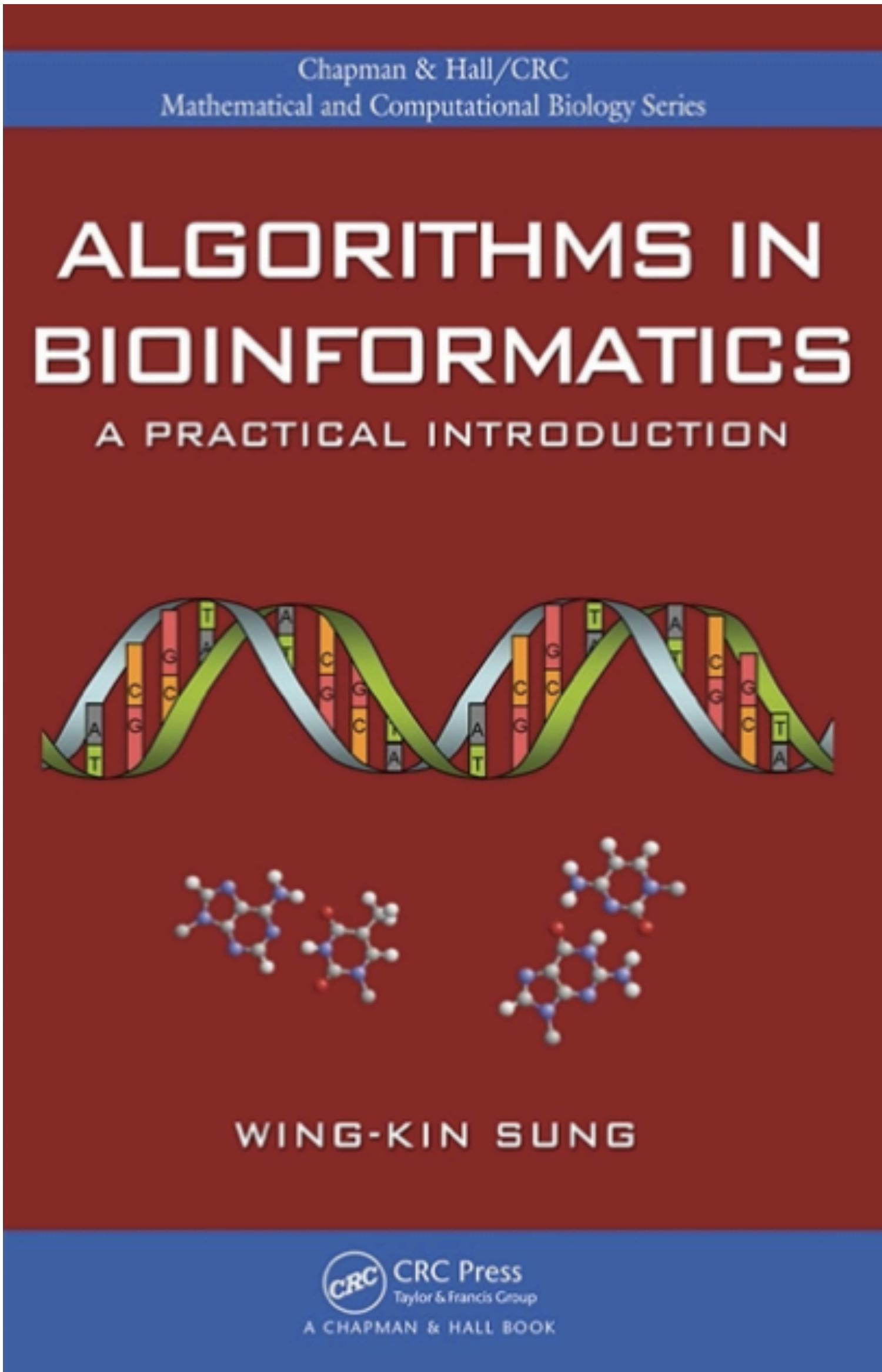
7 Phylogeny Reconstruction	155
7.1 Introduction	155
7.1.1 Mitochondrial DNA and Inheritance	155
7.1.2 The Constant Molecular Clock	155
7.1.3 Phylogeny	156
7.1.4 Applications of Phylogeny	157
7.1.5 Phylogenetic Tree Reconstruction	158
7.2 Character-Based Phylogeny Reconstruction Algorithm	159
7.2.1 Maximum Parsimony	159
7.2.2 Compatibility	165
7.2.3 Maximum Likelihood Problem	172
7.3 Distance-Based Phylogeny Reconstruction Algorithm	178
7.3.1 Additive Metric and Ultrametric	179
7.3.2 Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA)	184
7.3.3 Additive Tree Reconstruction	187
7.3.4 Nearly Additive Tree Reconstruction	189
7.3.5 Can We Apply Distance-Based Methods Given a Character-State Matrix?	190
7.4 Bootstrapping	191
7.5 Can Tree Reconstruction Methods Infer the Correct Tree? .	192
7.6 Exercises	193

منابع درس



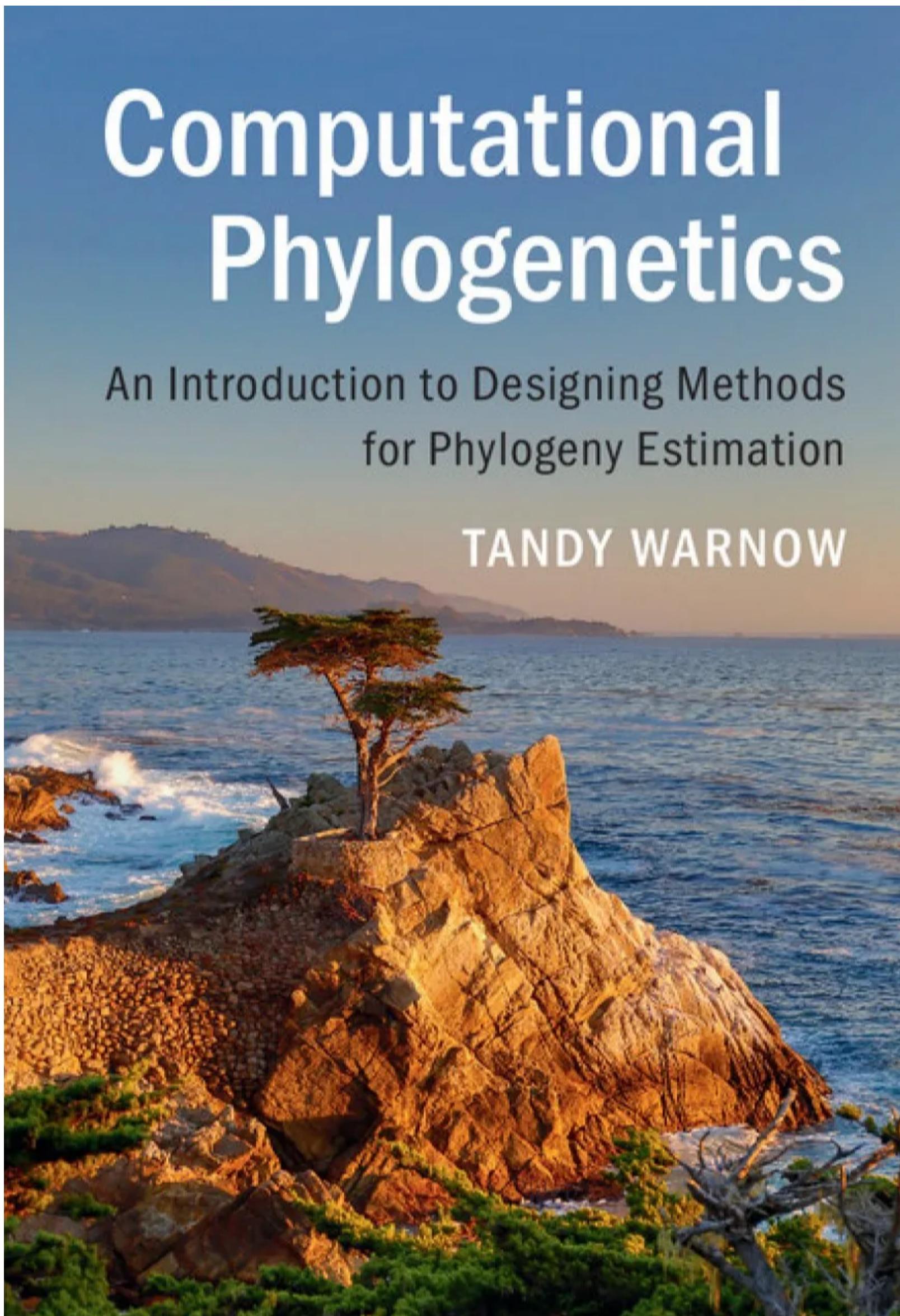
8 Phylogeny Comparison	199
8.1 Introduction	199
8.2 Similarity Measurement	200
8.2.1 Computing MAST by Dynamic Programming	201
8.2.2 MAST for Unrooted Trees	202
8.3 Dissimilarity Measurements	203
8.3.1 Robinson-Foulds Distance	204
8.3.2 Nearest Neighbor Interchange Distance (NNI)	209
8.3.3 Subtree Transfer Distance (STT)	210
8.3.4 Quartet Distance	211
8.4 Consensus Tree Problem	214
8.4.1 Strict Consensus Tree	215
8.4.2 Majority Rule Consensus Tree	216
8.4.3 Median Consensus Tree	218
8.4.4 Greedy Consensus Tree	218
8.4.5 R^* Tree	219
8.5 Further Reading	220
8.6 Exercises	222

منابع درس



6 Multiple Sequence Alignment	139
6.1 Introduction	139
6.2 Formal Definition of the Multiple Sequence Alignment Problem	139
6.3 Methods for Solving the MSA Problem	141
6.4 Dynamic Programming Method	142
6.5 Center Star Method	143
6.6 Progressive Alignment Method	146
6.6.1 ClustalW	147
6.6.2 Profile-Profile Alignment	147
6.6.3 Limitation of Progressive Alignment Construction	149
6.7 Iterative Method	149
6.7.1 MUSCLE	150
6.7.2 Log-Expectation (LE) Score	151
6.8 Further Reading	151
6.9 Exercises	152

منابع درس



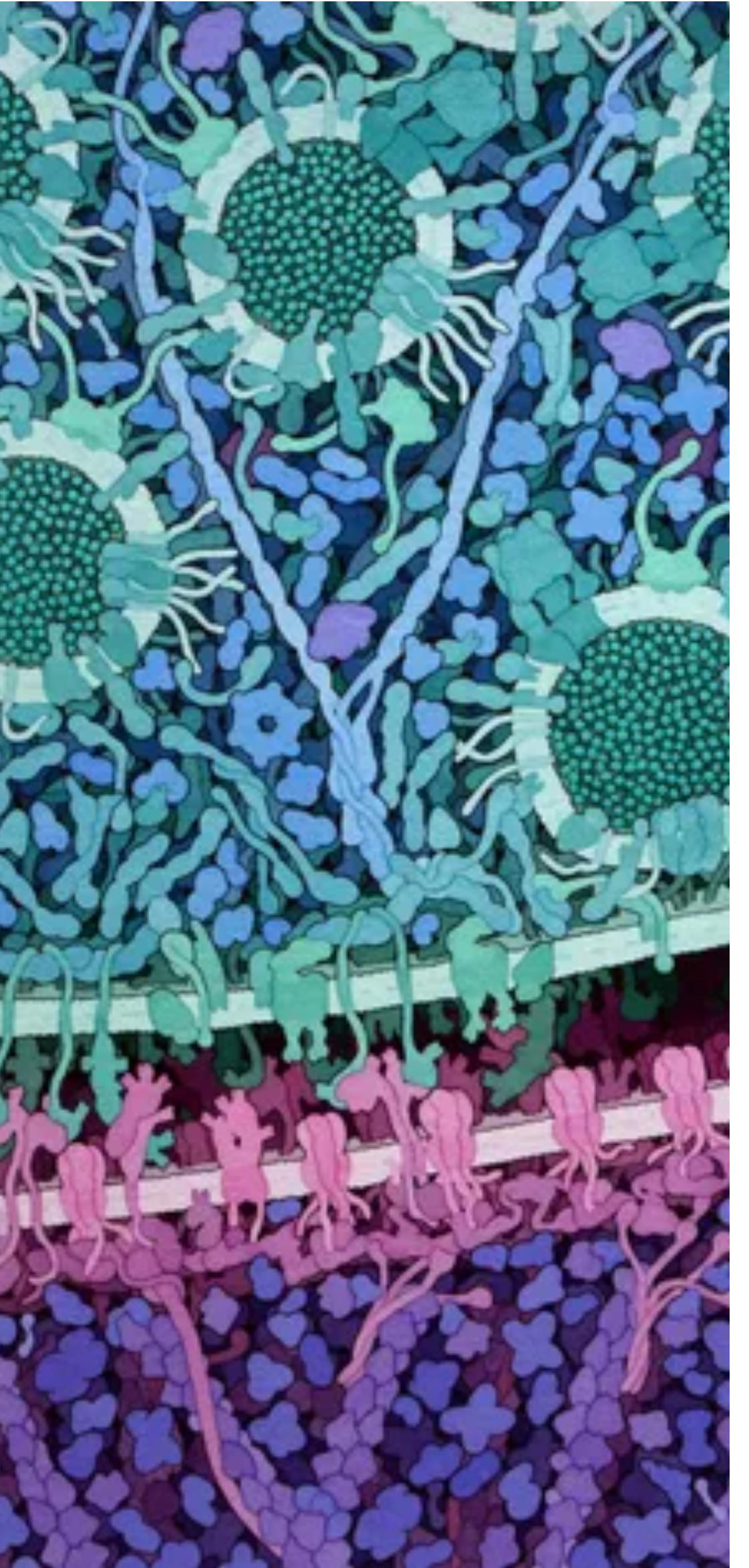
PART ONE BASIC TECHNIQUES

- 3 Constructing trees from true subtrees 57
- 4 Constructing trees from qualitative characters 67
- 5 Distance-based tree estimation methods 89
- 6 Consensus and Agreement Trees 115
- 7 Supertrees 128

PART TWO MOLECULAR PHYLOGENETICS 153

- 8 Statistical gene tree estimation methods 155
- 9 Multiple sequence alignment 189
- 10 Phylogenomics: constructing species phylogenies from multi-locus data 246
- 11 Designing methods for large-scale phylogeny estimation 286

ارزش‌یابی



نیمه اول

۱ نمره جزوه: هر فرد یک جلسه

۲ تا کوئیز ۱ نمره

۲ تا تمرین ۲ نمره

۳ نمره پروژه نیمه اول (درخت فیلوژنی)

۳ نمره میان‌ترم

نیمه دوم

۲ تمرین ۴ نمره

پروژه ۳ نمره

امتحان پایان ترم ۳ نمره

اطلاعات درس را کجا دنبال کنیم؟

۰۰۱ : ژئومیک محاسباتی Calendar

ج	تاریخ	موضوع جلسه	جزوه	تمرین	مطلوب
۱	۰۰/۰۸/۰۸	مروری پر هم زدیفی توالی ها			ب و ف
۲	۰۰/۰۸/۱۰				ب و ف
۳	۰۰/۰۸/۱۵	درخت فیلوزنی			ب و ف
۴	۰۰/۰۸/۱۷				...

Calendar

جزوه‌نویسی

برای رزرو جزوه‌نویسی به [این آدرس](#) مراجعه کنید.

ویرایش

● اطلاعات درس:

[http://foroughmand.ir/?
page_id=788](http://foroughmand.ir/?page_id=788)

● رزرو جزوه‌نویسی

● مهلت تحويل ۲ هفته بعد از جلسه

● اطلاعات درس

حل تمرین‌ها

- آقای احسان صابری
- آقای احسان انصاری

پیش‌نیاز



- ساختمان داده
- الگوریتم
- بیوانفورماتیک مقدماتی
- زیست‌شناسی سلولی مولکولی
- هم‌ردیفی توالی‌ها
- تکامل

اخلاق علمی



- هدف: یادگیری
- لطفا
- تقلب نکنید!

سؤال؟

