



وزارت علوم، تحقیقات و فناوری

برنامه درسی

دوره: کارشناسی ارشد

رشته مهندسی کامپیوتر

گرایش: بیوانفورماتیک

گروه: فنی و مهندسی



مصوبه جلسه ۸۸۷ مورخ ۹۶/۰۹/۰۴ شورای عالی برنامه ریزی آموزشی

بسم الله الرحمن الرحيم

برنامه درسی دوره کارشناسی ارشد مهندسی کامپیوتر گرایش بیوانفورماتیک

گرایش: بیوانفورماتیک

رشته: مهندسی کامپیوتر

مقطع: کارشناسی ارشد

کمیته: فنی و مهندسی

۱ _ به استناد مصوبه جلسه شماره ۸۸۷ مورخ ۱۳۹۶/۰۹/۰۴ شورای عالی برنامه‌ریزی آموزشی، برنامه درسی مهندسی کامپیوتر گرایش بیوانفورماتیک در مقطع کارشناسی ارشد مورد تصویب قرار گرفت.

۲ _ برنامه درسی مذکور در سه فصل: مشخصات کلی، جدول واحدهای درسی و سر فصل دروس تنظیم شده است و برای تمامی دانشگاه‌ها، مؤسسات آموزش عالی و پژوهشی کشور که طبق مقررات مصوب وزارت علوم، تحقیقات و فناوری فعالیت می‌کنند، برای اجرا ابلاغ می‌شود.

۳ _ این برنامه درسی از تاریخ تصویب به مدت ۵ سال قابل اجراست و پس از آن نیازمند بازنگری می‌باشد.



مجتبی شریعتی نیاسر

عبدالرحیم نوه ابراهیم

نایب رئیس شورای عالی برنامه‌ریزی آموزشی

دبیر شورای عالی برنامه‌ریزی آموزشی



دانشگاه صنعتی شریف
دانشکده مهندسی کامپیوتر

مشخصات کلی، برنامه و سرفصل دروس دوره کارشناسی ارشد
مهندسی کامپیوتر-بیوانفورماتیک



تابستان ۱۳۹۶



فهرست مطالب

4	مشخصات کلی دوره.....
5	تعریف و هدف
5	کارایی
5	طول دوره و شکل نظام
5	تعداد واحدهای دوره
5	دروس جبرانی
6	شرایط پذیرش
6	مواد امتحانی آزمون ورودی
7	برنامه و دروس دوره.....
8	برنامه دوره
8	دروس گروه اجباری
8	دروس گروه اختیاری
8	سمینار
8	پایان نامه
9	دروس اجباری و اختیاری
10	سرفصل دروس اجباری.....
11	یادگیری ماشین
13	بیوانفورماتیک ساختاری
14	ژنومیک محاسباتی
15	زیست شناسی سامانه ای محاسباتی
16	الگوریتمهای پیشرفته
18	سرفصل دروس اختیاری.....
19	زیست شناسی تکاملی محاسباتی
20	طراحی محاسباتی دارو
21	تحلیل گسترده داده‌های زیستی
22	شبکه‌های عصبی و یادگیری ژرف
24	هوش محاسباتی
26	مدل‌های گرافیکی احتمالاتی



- 28..... نظریه یادگیری آماری
- 30..... پردازش موازی
- 32..... داده پایگاه‌های بیوانفورماتیک
- 33..... ریاضیات و آمار پیشرفته زیستی
- 34..... نظریه بازیها
- 35..... فرآیندهای تصادفی
- 36..... شبیه سازی چندلایه سامانه های زیستی
- 38..... تحلیل شبکه‌های زیستی
- 39..... انفورماتیک پزشکی
- 40..... بهینه سازی
- 41..... مباحث ویژه در بیوانفورماتیک



فصل اول

مشخصات کلی دوره



تعریف و هدف

کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک دوره ای است مشتمل بر دروس نظری، عملی و پژوهشی در خصوص شیوه استفاده از روش های موجود برای حل مسائل موجود در زمینه زیست شناسی. هدف این رشته درک داده ها و فرآیندهای پیچیده زیست شناسی و تحلیل آنها با استفاده از روش های پیشرفته محاسباتی نظیر داده کاوی، یادگیری ماشین، روشهای آماری و مدل سازی رایانه ای است. طی پنجاه سال گذشته، پیشرفت های انجام شده در زیست شناسی سبب انقلابی در درک بشر از اساس مولکولی زندگی شده است. در گذشته مطالعه در خصوص ژن ها به صورت یک به یک انجام می شد، در حالی که امروزه، فناوری های جدید تجربی اجازه می دهد که همه ژن های یک موجود زنده، و نیز سطوح فعالیت و تعاملات پیچیده آنها مورد پژوهش قرار گیرد. برای تجزیه و تحلیل حجم عظیم داده ها و نتایج این نوع پژوهش، بکارگیری رایانه و روش های پیشرفته محاسباتی یک ضرورت است.

کارایی

فارغ التحصیلان این دوره می توانند دارای کارایی های زیر باشند:

- آشنایی با مبانی و اصول کلی بیوانفورماتیک
- قابلیت بکارگیری روش های مختلف محاسباتی، آماری و ریاضی برای مدل سازی، شبیه سازی و تحلیل شبکه های زیستی
- طراحی و پیاده سازی پایگاه های داده ای تخصصی در زمینه زیست شناسی
- طراحی الگوریتم های پیشرفته تجزیه و تحلیل داده های زیست شناسی
- انجام و هدایت پروژه های تحقیقاتی در زمینه بیوانفورماتیک
- همکاری با موسسات آموزشی کشور

طول دوره و شکل نظام

طول این دوره به طور متوسط دو سال و نیم و شکل نظام آن به صورت نیمسال است.

تعداد واحدهای دوره

تعداد واحدهای درسی این دوره علاوه بر دروس جبرانی برابر با ۳۲ واحد به صورت زیر است:

۱. دروس اجباری ۱۲ واحد
۲. دروس اختیاری ۱۲ واحد
۳. سمینار ۲ واحد
۴. پایان نامه ۶ واحد

دروس جبرانی

دروس جبرانی هر دانشجو توسط گروه مجری و با توجه به سابقه تحصیلی دانشجو حداکثر ۸ واحد و از بین دروس زیر تعیین می شوند.

جدول ۱. لیست دروس جبرانی

ردیف	نام درس (فارسی)	تعداد واحد
1	هوش مصنوعی	3 واحد
2	طراحی الگوریتم ها	3 واحد
3	زیست شناسی سلولی و مولکولی	2 واحد
4	ژنتیک و تکامل	2 واحد
5	آزمایشگاه زیست شناسی	1 واحد

شرایط پذیرش

پذیرش در این دوره منوط به موفقیت در آزمون ورودی کارشناسی ارشد رشته مهندسی کامپیوتر-بیوانفورماتیک است. فارغ التحصیلان دوره های کارشناسی مهندسی کامپیوتر، علوم کامپیوتر، مهندسی فن آوری اطلاعات، مهندسی برق، مهندسی پزشکی، فیزیک، ریاضی و آمار می توانند در آزمون ورودی این دوره شرکت کنند.

مواد امتحانی آزمون ورودی

مواد امتحانی آزمون ورودی این دوره هر ساله توسط کمیته کامپیوتر گروه فنی و مهندسی شورای عالی برنامه ریزی اعلام می شود. مواد پیشنهادی به قرار زیر است:

۱. زبان عمومی و تخصصی (ضریب ۱)
۲. ریاضیات شامل محاسبات عددی، ریاضیات مهندسی، آمار و احتمالات مهندسی، ساختمانهای گسسته (ضریب ۳)
۳. دروس مشترک شامل ساختمان داده ها و الگوریتم ها، نظریه زبانها و ماشین ها، مدارهای منطقی، معماری کامپیوتر و سیستم عامل (ضریب ۲)،
۴. دروس تخصصی بیوانفورماتیک شامل طراحی الگوریتم ها و پایگاه داده ها (ضریب ۴).



فصل دوم

برنامه و دروس دوره



برنامه دوره

برنامه دوره کارشناسی ارشد بیوانفورماتیک شامل ۲۴ واحد درسی از گروه های اجباری و اختیاری، دو واحد سمینار، و شش واحد پایان نامه است. از دروس گروه اجباری، باید چهار درس انتخاب شود و چهار درس باقیمانده را از دروس گروه اجباری یا اختیاری انتخاب می شود.

دروس گروه اجباری

دروس گروه اجباری به صورتی انتخاب شده اند که مبانی و اصول رشته بیوانفورماتیک را پوشش دهند و اخذ آنها نسبت به دروس گروه اختیاری از اولویت بیشتری برخوردار است. همه این دروس سه واحدی بوده و در جدول ضمیمه معرفی شده اند.

دروس گروه اختیاری

دروس گروه اختیاری دانش لازم برای فعالیت تخصصی و تمرکز بیشتر دانشجو بر روی یک زمینه خاص را فراهم می آورد. همه این دروس سه واحدی بوده و در جدول ضمیمه معرفی شده اند.

سمینار

گذراندن درس سمینار برای دانشجویان این دوره الزامی است. در درس سمینار، دانشجو با انتخاب یک موضوع خاص و یک استاد راهنما، در مورد آن موضوع مطالعه و پژوهش می کند. این پژوهش بایستی شامل کارهای انجام شده قبلی و مسائل حل نشده در رابطه با موضوع انتخاب شده باشد. نتیجه پژوهش در این درس بایستی هم به صورت شفاهی و هم در قالب یک گزارش کتبی ارائه شود.

پایان نامه

در این دوره هر دانشجو با انجام یک پروژه عملی در قالب یک پایان نامه ۶ واحدی در مورد یک مساله خاص پژوهش می کند. موضوع پایان نامه الزاماً بایستی در زمینه بیوانفورماتیک باشد و دانش لازم برای انجام آن، با دروس اخذ شده به وسیله دانشجو فراهم شده باشد. نحوه تصویب موضوع پایان نامه و ارزیابی و دفاع از آن مطابق آئین نامه های تحصیلات تکمیلی است.



جدول 2. لیست دروس اجباری - حداقل چهار درس باید گذرانده شود

ردیف	نام درس (فارسی)	تعداد واحد	نام درس (لاتین)
1	یادگیری ماشین	3 واحد	Machine Learning
2	بیوانفورماتیک ساختاری	3 واحد	Structural Bioinformatics
3	ژنومیک محاسباتی	3 واحد	Computational Genomics
4	زیست شناسی سامانه‌های محاسباتی	3 واحد	Computational System Biology
5	الگوریتم‌های پیشرفته	3 واحد	Advanced Algorithms

جدول 3. لیست دروس اختیاری

ردیف	نام درس (فارسی)	تعداد واحد	نام درس (لاتین)
1	زیست شناسی تکاملی محاسباتی	3 واحد	Computational Evolutionary Biology
2	طراحی محاسباتی دارو	3 واحد	Computational Drug Design
3	تحلیل گسترده داده های زیستی	3 واحد	High Throughputs Bioinformatics
4	شبکه های عصبی و یادگیری ژرف	3 واحد	Neural Network and Deep Learning
5	هوش محاسباتی	3 واحد	Computational Intelligence
6	مدل های گرافایی احتمالاتی	3 واحد	Probabilistic Graphical Models
7	نظریه یادگیری آماری	3 واحد	Statistical Learning Theory
8	پردازش موازی	3 واحد	Parallel Processing
9	داده پایگاه های بیوانفورماتیک	3 واحد	Bioinformatics Database Systems
10	ریاضیات و آمار پیشرفته زیستی	3 واحد	Advanced Mathematics and Statistics for bioinformatics
11	نظریه بازی ها	3 واحد	Game Theory
12	فرایندهای تصادفی	3 واحد	Statistical Processes
13	شبیه سازی چندلایه سامانه های زیستی	3 واحد	Multiscale Modeling of Biological Systems
14	تحلیل شبکه های زیستی	3 واحد	Analysis of Biological Networks
15	انفورماتیک پزشکی	3 واحد	Medical Informatics
16	بهینه سازی	3 واحد	Optimization
17	مباحث ویژه در بیوانفورماتیک	3 واحد	Special Topics in Bioinformatics
18	یک درس کارشناسی ارشد از سایر گروه ها یا دانشکده ها با تایید گروه	3 واحد	



فصل سوم

سرفصل دروس اجباری





یادگیری ماشین

Machine Learning

تعداد واحد: 3	نوع درس: اجباری
پیش نیاز: -	

کلیات

در این درس جنبه‌های مهم نظری و عملی زمینه‌های یادگیری ماشین و الگوشناسی آماری معرفی خواهد شد و در مورد مفاهیم، روش‌ها و الگوریتم‌های مربوطه بحث می‌شود. در حوزه یادگیری با سرپرست مسایل رگرسیون و دسته‌بندی مورد بررسی قرار خواهند گرفت و برای مساله دسته‌بندی انواع دیدگاه‌ها و الگوریتم‌های مربوطه مطرح می‌شود. در این زمینه به چارچوب‌های نظری یادگیری با سرپرست بحث و بررسی می‌گردد. در بخش یادگیری بدون ناظر در مورد تخمین چگالی، کاهش بعد بدون سرپرست و خوشه‌بندی صحبت خواهد شد. در زمینه یادگیری تقویتی روش‌های برنامه ریزی پویا، روش‌های مونت کارلو و روش‌های تفاضل زمانی بحث و بررسی می‌گردد.

پیش نیازها

برای این درس آشنایی با نظریه‌ی احتمال و جبر خطی و بهینه‌سازی لازم است.

ریز مواد



۱. مقدمه‌ای بر هوش محاسباتی و مرور کلی بر روشهای آن
۲. مقدمه‌ای بر یادگیری ماشین و مرور مباحث احتمال و جبر خطی
۳. تخمین ML و MAP
۴. رگرسیون شامل رگرسیون خطی و غیر خطی، بیش برازش، تجزیه خطا به بایاس و واریانس و نویز، منظم سازی، رگرسیون آماری و ارتباط توابع هدف مبتنی بر SSE با تخمین‌های احتمالی ML و MAP برای مساله‌ی رگرسیون
۵. دسته بند های احتمالی شامل نظریه تصمیم و دسته بند بهینه بیز و دسته بندی احتمالی و جدا ساز و مولد (بیز ساده و رگرسیون لاجستیک)، یادگیری با نظارت دسته بند ها از قبیل روش های تخمین پارامتری و روش های تخمین چگالی غیر پارامتری.
۶. دسته‌بندی با استفاده از توابع جداسازی شامل پرسپترون، جداساز خطی فشر، ماشین بردار پشتیبان و هسته و دسته بندی چند دسته ای
۷. درخت های تصمیم شامل روش های ساخت و هرس و شیوه دسته بندی درخت و معیارهای مختلف انتخاب ویژگی در درخت
۸. یادگیری مبتنی بر نمونه شامل دسته بندی k-نزدیکترین همسایه و رگرسیون خطی وزن دار محلی
۹. ارزیابی فرضیه و انتخاب مدل شامل معیارهای ارزیابی و روش های مختلف اندازه گیری معیارهای یاد شده، شیوه محاسبه بازه اطمینان، مقایسه الگوریتم های یادگیری و مقایسه فرضیه های تولید شده توسط الگوریتم های یادگیری مختلف و یکسان و آزمون های آماری.
۱۰. نظریه یادگیری محاسباتی شامل مدلهای محاسباتی مسایل یادگیری همانند مدل های احتمالا تقریبا درست و احتمالا تقریبا درست بی پیش فرض و محاسبه پیچیدگی نمونه ای الگوریتم های یادگیری در دو مدل و مدل یادگیری برخط و محاسبه کران تعداد اشتباه ها.
۱۱. یادگیری گروهی شامل تعاریف مربوط به یادگیرهای گروهی و یادگیر های ضعیف و برتری ها و کاستی های آنها، روش های مبتنی بر بوستینگ، بگینگ، پشته ای و آشناری و تحلیل برخی از آنها
۱۲. انتخاب و استخراج ویژگی شامل روش های انتخاب ویژگی مانند روش های مبتنی بر پالایش، روش های مبتنی بر لافاقه و روش های نهفته و روش های استخراج ویژگی مانند خانواده روش های تحلیل مولفه اصلی، تحلیل فاکتور، نهفته سازی محلی خطی و تحلیل مولفه مستقل.

۱۳. خوشه بندی شامل تعریف خوشه بندی و ویژگی های آن، روش های خوشه بندی مبتنی بر مرکز مانند روش های خانواده kmeans، روش های سلسله مراتبی و روش های مبتنی بر مدل مانند مدل مخلوط گوسی و شیوه ارزیابی روش های خوشه بندی.
۱۴. یادگیری تقویتی شامل تعریف مسایل یادگیری تقویتی و مولفه های آن، روش های مبتنی بر مدل از قبیل روش های برنامه ریزی پویا مانند تکرار سیاست، بهبود سیاست و تکرار ارزش و روش های مستقل از مدل از قبیل روش های مونت کارلو و روش های تفاضل زمانی مانند روش یادگیری Q و روش یادگیری SARSA
۱۵. مباحث پیشرفته در یادگیری ماشین

مراجع اصلی

- Kevin P. Murphy, *Machine Learning: A Probabilistic Perspective*, MIT Press, 2012.
- Christopher M. Bishop, *Pattern Recognition and Machine Learning*, Springer, 2007.
- Richard S. Sutton and Andrew G. Barto, *Reinforcement Learning: An Introduction*, MIT Press, 1998
- Tom M. Mitchell, *Machine Learning*, McGrawHill, 1997

مراجع فرعی

- Trevor Hastie, Robert Tibshirani, and Jerome Friedman, *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction*, Second Edition, Springer, 2013.
- Csaba Szepesvari, *Algorithms for Reinforcement Learning*, Morgan & Claypool, 2010





دانشکده مهندسی کامپیوتر

بیوانفورماتیک ساختاری Structural Bioinformatics

تعداد واحد: 3	نوع درس: اجباری
پیش نیاز: -	

کلیات

مولکول‌های زیستی دارای یک ساختار سه بعدی می‌باشند که اطلاعات نهان در این ساختارها در کاربردهایی همچون طراحی دارو و زیست فناوری بسیار مهم می‌باشند. در این درس دانشجویان با مباحث مختلف در زیست شناسی ساختاری آشنا شده و قابلیت‌های لازم را برای به کار بردن روش‌های محاسباتی در آنها به دست خواهند آورد.

ریز مواد

۱. پایگاه داده ساختاری
۲. روش‌های مشاهده پایگاه داده ساختاری
۳. پیش‌بینی ساختاری
۴. آنالیز داده‌های ساختاری
۵. دسته بندی فضای ساختار پروتئینی
۶. شبکه‌های ساختاری پروتئین- پروتئین
۷. دینامیک مولکولی
۸. طراحی مجازی دارو
۹. روش‌های جستجو برای مدل نمودن
۱۰. Geometric



مراجع اصلی

- Schulz, Georg E., and R. Heiner Schirmer. *Principles of protein structure*. Springer Science & Business Media, 2013.
- Whitford, David. *Proteins: structure and function*. John Wiley & Sons, 2013.
- P. Bourne and H. Weissig, *Structural Bioinformatics*, Wiley-Liss: Hoboken, New Jersey, 2003.
- P. E. Bourne and J. Gu, *Structural Bioinformatics*, Wiley, John & Sons, Incorporated, 2009.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اجباری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس معرفی مفاهیم و مسائل پایه در ژنومیک است که برای آنها راهکارهای محاسباتی ارائه شده است. تطابق رشته ها، مدل‌های مخفی مارکوف، روشهای هیوریستیک و تفسیر احتمالاتی تطابق ها از مباحث مورد پوشش بوده و مباحث وسیعتر شامل مقایسه ژنوم های گونه های متفاوت، یافتن ژن، توالی یابی و اسمبلی ژنوم کامل و متاژنومیک میباشد.

ریز مواد

۱. مقدمه
۲. تطابق توالی ها و BLAST
۳. مدل‌های مخفی مارکوف
۴. توالی یابی و اسمبلی DNA
۵. توالی یابی سرطان
۶. دسته بندی ساختار
۷. ژنومیک جمعیت انسان
۸. توالی های RNA
۹. متاژنومیک



مراجع اصلی

- V. Mäkinen et al. "Genome-Scale Algorithm Design", Cambridge University Press, 2015.
- Richard Durbin et al. "Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids", Cambridge University Press, 2003.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اجباری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس ارائه روش های مختلف محاسباتی و ریاضی به منظور مدل سازی، شبیه سازی و تحلیل شبکه های زیستی می باشد. در سالیان اخیر پیشرفت های بسیاری در جمع آوری داده های زیستی به وجود آمده است که در نهایت نیاز به ایجاد روش های محاسباتی جدیدی برای بررسی این داده ها را ضروری ساخته است. چنین مباحثی معمولاً به صورت پراکنده در درس های مختلف زیست شناسی ارائه می شدند. با این حال در سالیان اخیر گرایش جدیدی تحت عنوان زیست شناسی سیستمی محاسباتی به وجود آمده است که در این درس این مباحث از نقطه نظر محاسباتی بررسی می شوند.

ریز مواد

۱. روش های سیستمی در زیست شناسی
۲. اصول شبکه های واکنشی در زیست شناسی
۳. روش های مدل سازی و شبیه سازی
 - روش های توپولوژیکی
 - روش های آماری
 - روش های تصادفی
 - معادلات دیفرانسیل خطی و غیر خطی
 - سیستم های پویا
۴. تحلیل سیستمی
 - کاهش پیچیدگی
 - پایداری
 - تخمین و شناسایی



مراجع اصلی

- Palsson, Bernhard. Systems biology. Cambridge university press, 2015.
- Klipp, Edda, et al. Systems biology: a textbook. John Wiley & Sons, 2016.
- E. Klipp, Systems Biology in Practice, Wiley-VCH, 2005.
- H. Kitano, Foundations of Systems Biology, MIT Press, 2001.
- U. Alon, An Introduction to Systems Biology - Design Principles of Biological Circuits, CRC Press, 2016.



تعداد واحد: 3	نوع درس: اجباری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

این درس برای دانش‌جویان کارشناسی ارشد و دکتری ارائه می‌شود و هدف آن پرداختن به موضوع‌های مهمی از الگوریتم‌هاست که قاعدتاً یک دانشجوی کارشناسی ارشد کامپیوتر باید بر آن‌ها مسلط باشد.

ریز مواد

۱. مقدمات، تحلیل سرشکنی (Amortized)
۲. مسایل ان‌پی-تمام (NP-Complete)
 - a. مقدمات
 - b. نظریه‌ی ان‌پی-تمام
 - c. رابطه با مسایل ان‌پی
 - d. قضیه‌ی کوک
 - e. مسایل اصلی (3-Sat, 3D-matching, Vertex-Cover, Clique, دور همیلتونی، افراز)
 - f. روش‌های اثبات ان‌پی-تمام بودن یک مسئله
 - g. استفاده از این موضوع برای تحلیل الگوریتم‌ها
۳. الگوریتم‌های شبکه و گراف
 - a. شبکه‌ی شار (روش Ford-Fulkerson، الگوریتم‌های Preflow-Push و Relabel-to-front)
 - b. گونه‌های متفاوت مسئله
 - c. کاربردهای مختلف
 - d. مسئله‌های تطابق (Matching)
 - e. «گمارش» (Assignment)
 - f. «حمل و نقل» (Transportation)
 - g. جایابی
۴. تطابق رشته‌ها
 - a. الگوریتم Robin-Karp
 - b. الگوریتم Knuth-Morris-Pratt
 - c. الگوریتم Boyer-Moore
۵. شبکه‌های مرتب‌ساز (Sorting Networks)



۶. الگوریتم‌های برنامه‌ریزی خطی (Linear Programming)
۷. آشنایی با الگوریتم‌های هندسه‌ی محاسباتی (Computational Geometry)
۸. الگوریتم‌های تقریبی برای برخی مسائل NP-hard
۹. الگوریتم‌های احتمالاتی (Probabilistic Algorithms) [در صورت وجود وقت]

آزمون - تمرین - گزارش پژوهشی

- حدود ۴ تمرین نظری
- هر یک یا دو دانش‌جو باید (به انتخاب نهایی استاد) در یکی از کارهای زیر مشارکت کنند:
 1. مطالعه و فهم یک مقاله تعیین شده و آرایه‌ی آن در کلاس و تهیه‌ی گزارش فارسی از آن
 2. انجام پژوهش بر روی موضوعی خارج از درس که توسط مدرس تعیین می‌شود، و حاصل آن گونه‌ی اولیه‌ی یک مقاله است.
- آزمون میان ترم
- آزمون نهایی

مراجع اصلی

- T. Cormen, C. Leiserson, R. Rivest, C. Stein, *Introduction to Algorithms*, MIT Press, 2001.
- J. Kleinberg, E. Tardos, *Algorithm Design*, Addison Wesley, 2005.
- V. Vazirani, *Approximation Algorithms*, Springer, 2002.



فصل سوم

سرفصل دروس اختیاری



زیست شناسی تکاملی محاسباتی

Computational Evolutionary Biology



دانشکده مهندسی کامپیوتر

تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس، معرفی مفاهیم مرتبط با بیولوژی تکاملی شامل ژنتیک جمعیتی و فیلوژنتیک می باشد. این مفاهیم از دیدگاه محاسباتی مورد بررسی قرار گرفته و روشهای محاسباتی متداول برای برخی از مسائل عمده در این حوزه نیز معرفی و تمرین می شود.

ریز مواد

۱. مقدمه
۲. مدل های تکامل مولکولی شامل مدل های جابجایی نوکلئوتید، آمینه اسید و کودون
۳. فیلوژنی و بازسازی آن
۴. بکارگیری ML و سایر روشهای آماری
۵. مقایسه روشهای مختلف فیلوژنی
۶. محاسبات بیزی (MCMC)
۷. فیلوژنتیک بیزی
۸. نظریه Coalescent و درخت های گونه ها
۹. ساعت مولکولی و تخمین زمان های واگرایی گونه ها
۱۰. تکامل تطبیقی و خنثی پروتئین
۱۱. شبیه سازی تکامل مولکولی



مراجع اصلی

- Ziheng Yang "Molecular Evolution: A Statistical Approach", Oxford University Press, 2014.
- Ziheng Yang "Computational Molecular Evolution", Oxford University Press, 2006.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس آشنایی با داروها و نحوه عملکرد آنها می‌باشد. همچنین مسائل متداول در طراحی دارو مورد بررسی قرار گرفته و روشهای محاسباتی شامل روشهای یادگیری ماشین برای آنها مورد استفاده قرار میگیرد. این درس، آغازی برای ورود دانشجو به حوزه طراحی (و جایجایی) دارو از دیدگاه محاسباتی می‌باشد.

ریز مواد

۱. مقدمه
۲. طبقه بندی داروها
۳. فیلترهای متداول برای طراحی دارو
۴. توصیف کننده های مولکولی و فعالیت ساختاری
۵. گراف های فارماکوفور
۶. یادگیری ماشین برای طراحی فیلترها
۷. انواع هدف ها در طراحی دارو (شامل اهداف پروتئینی و نوکلئوتیدی)
۸. مدل سازی QM و MM
۹. Docking
۱۰. فارماکودینامیک
۱۱. تعامل دارو-هدف
۱۲. فارماکوکینومیک
۱۳. تعاملات ژن-ژن و ژن-محیط و فارماکوااینفورماتیک ژنی
۱۴. مقدمه ای بر جایجایی (repositioning) دارو



مراجع اصلی

- Patrick Malone et al. "Drug Information-A Guide for Pharmacists" McGraw-Hill, 2014.
- David C. Young " Computational Drug Design: A Guide for Computational and Medicinal Chemists", John Wiley & Sons, 2009.

تحلیل گسترده داده‌های زیستی

High Throughputs Bioinformatics



دانشکده مهندسی کامپیوتر

تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف این درس تسلط دانشجویان به برنامه نویسی در بیوانفورماتیک و افزایش مهارت آنان در آنالیز داده های واقعی زیستی است.

ریز مواد

۱. زبان برنامه نویسی آماری R
۲. کتابخانه های R و BioConductor
۳. تحلیل داده های بیان ژن حاصل از ریزآرایه ها (Microarray)
۴. نگاشت داده های توالی یابی نسل جدید (Next Generation Sequencing)
۵. تحلیل داده های توالی یابی RNA
۶. تحلیل داده های متیلاسیون DNA
۷. تحلیل داده های تغییرات هیستونی و الحاق فاکتورهای رونویسی
۸. نمودارسازی و آرایه تصویری
۹. آزمون معنی دار بودن نتایج در R
۱۰. خطا و استنباط نادرست در تحلیل

مراجع اصلی

- Xinkun Wang, Next Generation Sequencing Data Analysis, Taylor & Francis, 2016.
- R Core Team, R: A Language and Environment for Statistical Computing, R Foundation for statistical computing, Vienna, Austria, 2013
- R Language Reference Manual



شبکه‌های عصبی و یادگیری ژرف

Neural Network and Deep Learning



دانشکده مهندسی کامپیوتر

تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

این درس به حوزه‌ای از یادگیری تحت عنوان یادگیری ژرف که در چند سال اخیر بسیار مورد توجه قرار گرفته و به عملکرد چشم‌گیری در بسیاری از کاربردها دست یافته است خواهد پرداخت. در طول این درس ابتدا آشنایی با معماری‌های مهم شبکه‌های عصبی و نحوه‌ی آموزش آن‌ها صورت خواهد گرفت. سپس پیشرفت‌هایی که در طراحی و نحوه‌ی آموزش شبکه‌ها در حوزه یادگیری ژرف صورت گرفته است معرفی می‌شود. همچنین انواعی از مدل‌های شبکه‌های ژرف که طی یک دهی اخیر معرفی شده‌اند، بررسی خواهند شد. در نهایت تعدادی از کاربردهایی که این حوزه در سال‌های اخیر داشته است معرفی می‌شود.

ریز مواد

۱. مقدمه و معرفی شبکه‌های عصبی مصنوعی
۲. پرسپترون چند لایه (Multi-layer Perceptron)
 - a. MLP به عنوان تقریب زننده عمومی (general approximator)
۳. الگوریتم انتشار عقب‌رو خطا (Error back propagation)
۴. تکنیک‌هایی در آموزش، بهینه‌سازی و تعمیم‌پذیری شبکه‌های ژرف
۵. شبکه‌های عصبی پیچشی (Convolutional Neural networks)
۶. شبکه‌های خودکدگذار (Auto-encoder)
 - a. شبکه‌های خودکدگذار پشته‌ای (Stacked auto-encoder)
۷. شبکه‌های عصبی بازگردنده (Recurrent Neural networks)
 - a. مدل‌سازی دنباله‌ها
 - b. حافظه‌های بلند کوتاه مدت (Long Short Term Memories)
 - c. شبکه‌های توجه (attention)
۸. شبکه‌های حافظه (Memory networks) و ماشین تورینگ عصبی (Neural Turing Machine)
۹. مدل‌های احتمالی
 - a. ماشین بولتزمن محدود شده (Restricted Boltzmann Machine)
 - b. شبکه‌های باور ژرف (Deep Belief Networks)
 - c. ماشین بولتزمن ژرف (DBM)
 - d. خودکدگذار وردشی (variational)
 - e. شبکه‌های مولد حریفانه (adversarial generative networks)
۱۰. یادگیری تقویتی ژرف (Deep Reinforcement Learning)
۱۱. تکنیک‌های بهینه‌سازی موثرتر در آموزش شبکه‌های ژرف



۱۲. بررسی کاربردهای شبکه‌های ژرف در حوزه‌های نظیر:

a. بینایی ماشین (Computer Vision)

b. متن و مدل‌سازی زبانی (Language Modeling)

نحوه ارزیابی

- تمرین: 20٪
- میان‌ترم: 25٪
- آزمون پایان‌ترم: 35٪
- پروژه یا کار تحقیقاتی: 10٪

مراجع اصلی

- Ian Goodfellow, Yoshua Bengio and Aaron Courville, *Deep Learning*, Book in preparation for MIT Press, 2016.
- Michael Nielsen, *Neural networks and deep learning*, Preprint, 2016.

• تعدادی مقالات مرتبط با عناوین درس





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هوش محاسباتی زیرشاخه ای از هوش مصنوعی است که به بررسی مکانیزم های تطبیقی می پردازد که قابلیت رفتارهای هوشمند را در محیط های پویا و پیچیده فراهم می سازد. این مکانیزم ها شامل پارادیم هایی از هوش مصنوعی هستند که دارای قابلیت یادگیری، تعمیم، انتزاع، کشف و انجمنی را فراهم می سازند. هوش محاسباتی شامل مجموعه وسیعی از روشها از قبیل پردازش تکاملی، هوش جمعی، سیستم های ایمنی مصنوعی، شبکه های عصبی و سیستم های فازی می باشند. این درس تنها به بررسی روشهای فرا مکاشفه ای مبتنی بر جمعیت می پردازد.

ریز مواد

۱. مقدمه ای بر هوش محاسباتی و مرور کلی بر روشهای آن
۲. پردازش تکاملی (Evolutionary Computation) شامل
 - a. الگوریتم های تکاملی (Evolutionary Algorithms)
 - b. الگوریتم های ژنتیکی (Genetic Algorithms)
 - c. برنامه ریزی تکاملی (Evolutionary Programming)
 - d. استراتژی های تکاملی (Evolution Strategies)
 - e. برنامه ریزی ژنتیکی (Genetic Programming) و نسخه های مختلف آن از قبیل برنامه ریزی ژنتیکی خطی و کارترین
 - f. الگوریتم های تکاملی ترکیبی (Hybrid Evolutionary Algorithms)
 - g. الگوریتم های فرهنگی (Cultural Algorithms)
 - h. الگوریتم های تکامل تفاضلی (Differential Evolution)
 - i. یادگیری سامانه دسته بند (Learning Classifier Systems) و توسعه های آن از قبیل ZCS و XCS
 - j. مبانی نظری الگوریتم های تکاملی از قبیل طرحواره ها (Schema)
 - k. تنظیم و کنترل پارامترهای الگوریتم های تکاملی
 - l. حل مسائل ارضاء قیود توسط الگوریتم های تکاملی
 - m. هم تکاملی (Co-evolution)
 - n. مسئله پیوند، مدلسازی احتمالاتی والگوریتم های بهینه سازی بیزی
 - o. بهینه سازی چند قله ای و چند هدفه
 - p. الگوریتمهای تکاملی موازی



۳. جستجوی هارمونی، مبانی نظری و کاربردهای آن

۴. هوش جمعی (Swarm Intelligence)

a. الگوریتم های بهینه سازی مبتنی بر ذرات (Particle Swarm Optimization) و نسخه های آن

b. الگوریتم مورچگان (Ant Algorithms) و نسخه های مختلف آن

c. شبکه مورچگان

d. الگوریتم های مبتنی بر زندگی زنبور عسل

e. مبانی نظری الگوریتم های هوش جمعی و بررسی همگرایی آنها

f. کاربردهای مختلفی از الگوریتم های بهینه سازی ذرات و الگوریتم مورچگان

۵. سیستم ایمنی مصنوعی (Artificial Immunity System)

a. سیستم ایمنی طبیعی

b. سیستم ایمنی مصنوعی

c. شبکه های ایمنی مصنوعی

۶. اشاره ای به روشهای دیگر جستجوی مکاشفه ای از قبیل جستجوی Tabu

۷. سنتز پدیده های طبیعی

a. زندگی مصنوعی

b. Fractal Geometry

۸. محاسبات با مواد طبیعی

a. محاسبات مولکولی و مبتنی بر DNA

b. محاسبات کوانتومی

مرجع اصلی

- A. P. Engelbrecht, Computational Intelligence: An Introduction, John Wiley & Sons, 2007.
- A. E. Eiben and J. E. Smith, Introduction to Evolutionary Computing, Springer Verlag, 2003.
- M. Dorigo and T. Stutzle, Ant Colony Optimization, MIT Press, 2004.
- J. Kennedy, R. C. Eberhart, and Y. Shi, Swarm Intelligence, Morgan Kaufmann Publishers, 2001.
- L. N. de Castro, "Fundamentals of Natural Computing: An Overview", Physics of Life Reviews, Vol. 4, No. 1, pp. 1-36, 2007.
- L. N. de Castro, Fundamentals of Natural Computing: Basic Concepts, Algorithms, and Applications, Chapman & Hall/CRC Computer and Information Sciences, 2006.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

مدل‌های گرافی احتمالی، چارچوب محاسباتی کلی برای استنتاج و یادگیری در شرایط نایقین (uncertainty) فراهم می‌آورند. در این مدل‌ها برای نمایش وابستگی‌های شرطی بین متغیرهای تصادفی از یک گراف استفاده شده و توزیع توام مجموعه‌ی متغیرهای تصادفی از این طریق مشخص می‌شود. در این درس، برای معرفی مدل‌های گرافی احتمالی سه جنبه موردتوجه قرار می‌گیرد: بازنمایی در این مدل‌ها (شبکه‌های بی‌زین و میدان‌های تصادفی مارکوف)، یادگیری (پارامترها و ساختار) این مدل‌ها از روی داده‌ها؛ انجام استنتاج (با روش‌های دقیق و تقریبی) جهت استفاده از مدل‌های گرافی احتمالی برای تصمیم‌گیری در شرایط نایقینی. در شروع این درس لازم است دانشجویان آشنایی با مباحث آمار و احتمال و همچنین مقدمات یادگیری ماشین داشته باشند.

ریز مواد

۱. معرفی مدل‌های گرافی (برای نمایش دانش احتمالی)

- a. مدل‌های گرافی جهت‌دار: شبکه‌ی بی‌زین
- b. مدل‌های گرافی بدون جهت: میدان‌های تصادفی مارکوف
- c. دیدگاهی واحد برای مدل‌های گرافی جهت‌دار و بدون جهت

۲. استنتاج دقیق در مدل‌های گرافی

- a. الگوریتم حذف متغیر
- b. انتشار اعتقاد یا انتقال پیام
- گراف‌های عامل و الگوریتم جمع‌ضرب
- c. تخمین MAP: الگوریتم بیشینه‌ضرب
- d. الگوریتم درخت اتصال

۳. یادگیری مدل‌های گرافی

- a. یادگیری مدل‌های جهت‌دار کاملاً مشاهده شده
- b. یادگیری مدل‌های بدون جهت کاملاً مشاهده شده
- c. الگوریتم EM برای یادگیری مدل‌های گرافی نیمه مشاهده شده
- d. یادگیری ساختار مدل‌های گرافی

۴. مدل‌های گرافی مشهور

- a. خانواده نمایی
- مدل‌های گرافی گاوسی
- مدل‌های Ising (یا MRF دو به دو)



- b. میدان تصادفی شرطی (CRF)
- c. مدل‌های زمانی و مدل‌های حالت-فضا
- مدل مخفی مارکوف (HMM)
- سامانه خطی پویا (LDS)
- فیلتر کالمن

۵. استنتاج تقریبی

a. رویکرد قطعی

- انتشار اعتقاد حلقه‌ای
- استنتاج وردشی
- تقریب میدان میانگین
- تخمین چگالی مفروض
- روش‌های وردشی ساختاردار

b. رویکرد تصادفی: استنتاج مبتنی بر نمونه‌برداری

- نمونه‌برداری رد
- نمونه‌برداری اهمیت
- زنجیره‌ی مارکوف مونت کارلو (MCMC)
- الگوریتم متروپلیس-هیستینگز (Metropolis Hastings)
- نمونه‌برداری گیبس

نحوه ارزیابی

- تمرین: 15%
- میان‌ترم: 30%
- آزمون پایان‌ترم: 40%
- پروژه یا کار تحقیقاتی: 15%

مرجع اصلی

- D. Koller and N. Friedman, "Probabilistic Graphical Models: Principles and Techniques", MIT Press, 2009.
- M. Wainwright and M.I. Jordan, "Graphical Models, Exponential Families, and Variational Inference", Foundations
- and Trends in Machine Learning, vol. 1, pp. 1-305, 2008.
- M.I. Jordan, "An Introduction to Probabilistic Graphical Models", In preparation.
- C.M. Bishop, "Pattern Recognition and Machine Learning", Springer, 2006.
- K.P. Murphy, "Machine Learning: A Probabilistic Perspective", MIT Press, 2012





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس، آموزش مفاهیم نظری و الگوریتم های یادگیری ماشین است. بسیاری از این الگوریتم ها در کاربرد های مختلفی بصورت موفقیت آمیز به کار رفته اند. این درس از سه بخش تشکیل شده است. در بخش نخست مبانی نظری و مدل های رسمی یادگیری و شیوه محاسبه کران های مطرح در این حوزه بررسی می شود. در بخش دوم به بررسی تعدادی الگوریتم یادگیری پرداخته و براساس مباحث بخش نخست، این الگوریتم ها تحلیل می گردند. در بخش سوم برخی از مباحث نظری پیشرفته تر در این حوزه بررسی می گردد. در این بیشتر مباحث این درس نظری می باشد و دانشجویان می بایست با مبانی نظریه پیچیدگی، مبانی آمار و احتمالات و مبانی جبرخطی آشنایی داشته باشند.

ریز مواد

۱. مقدمه یادگیری ماشین
۲. بخش نخست: مبانی نظری
 - مدل PAC و یادگیری به کمک همگرایی یکنواخت
 - توابع رشد، بعد VC، عدد پوششی و معیارهای دیگر که در یادگیری به کار می رود.
 - یادگیری به کمک همگرایی غیر یکنواخت و توصیف با کمترین طول
 - محاسبه کران خطای تعمیم
 - روش های منظم سازی و پایداری الگوریتم های یادگیری
 - یادگیری مبتنی بر هسته
۳. بخش دوم: تحلیل الگوریتم های یادگیری مختلف از جمله
 - یادگیر های خطی
 - یادگیری برخط و کران اشتباه (Mistake bound).
 - یادگیری رتبه
 - یادگیرهای مبتنی بر بوستینگ
 - رگرسیون
 - ماشین های بردار پشتیبان و یادگیری مبتنی بر هسته
 - یادگیری اتوماتا
 - یادگیری تقویتی و فرایند تصمیم مارکوف
 - روش های دیگر یادگیری



۴. بخش سوم: مبانی نظری خوشه بندی

۵. بخش چهارم: مباحث نظری پیشرفته

• پیچیدگی Rademacher

• نظریه PACBayes

• یادگیرهای عمومی

مراجع اصلی

- Mehryar Mohri, Afshin Rostamizadeh, and Ameet Talwalkar. Foundations of Machine Learning, MIT Press, 2012.
- Shai ShalevShwartz and Shai BenDavid , Understanding Machine Learning: From Theory to Algorithms, Cambridge university press, 2014.
- Michael J. Kearns and Umesh V. Vazirani. An Introduction to Computational Learning Theory. MIT Press, 1994.

مراجع کمکی

- Martin Anthony and Peter Bartlett. Neural Network Learning: Theoretical Foundations. Cambridge University Press, 1999.
- Martin Anthony and Norman L. Biggs, Computational Learning Theory: An Introduction, Cambridge University Press, 1992.
- Leslie Valiant, Probably Approximately Correct: Nature's Algorithms for Learning and Prospering in a Complex World, Basic Books, 2013.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف اصلی از پردازش موازی انجام محاسبات به کمک چندین پردازنده‌ی کوچک یا بزرگ است تا بتوان کارایی و تسریع بالایی را کسب کرد. دانش‌جویان در این درس، با مباحث نظری پردازش موازی و طراحی و تحلیل الگوریتم‌های موازی بر روی معماری‌های موازی مختلف و مدل انتزاعی «پی‌رم» آشنا می‌شوند و نیز به کمک برنامه‌نویسی موازی مبتنی بر انتقال پیام عملاً به پیاده‌سازی الگوریتم‌های خود می‌پردازند.

در این درس به «برنامه‌نویسی چند هسته‌ای» نیز نگاه مختصری خواهیم داشت و پروژه‌ای را در این زمینه انجام می‌دهیم.

ریز مواد

۱. معرفی

- (a) نیاز به پردازش موازی
- (b) انواع سیستم‌ها و پردازش موازی و واژه‌های علمی مورد استفاده
- (c) موانع پردازش موازی

۲. آشنایی با الگوریتم‌های موازی

- (a) چند مسئله‌ی ساده (انقباض موازی، محاسبه‌ی پیشوندی موازی، مرتب‌سازی، داده‌پراکنی)
- (b) چند معماری موازی (آرایه‌ی خطی، توری، ساختار درختی، گراف کامل)
- (c) حل مسئله‌های فوق بر روی هر ساختار و تحلیل آن (حد پایین الگوریتم‌ها)
- (d) آشنایی با «سیستم‌های تپنده» (systolic) و چند مسئله‌ی ساده (عملیات حسابی، محاسبات بیتی و کلمه‌ای، کانولوشن)

۳. پیچیدگی محاسبات موازی و رده‌ی NC

۴. مدل «پی‌رم» (PRAM) و الگوریتم‌های پایه‌ای

- (a) تعریف و فرضیات مدل پی‌رم
- (b) حل چند مسئله و تحلیل (داده‌پراکنی، انقباض و پیشوند موازی، ترتیب عناصر در لیست، ضرب ماتریس‌ها)
- (c) مسائل دیگر (انتخاب موازی، مرتب‌سازی، پوسته‌ی محدب نقاط)

۵. الگوریتم‌های موازی در سطح مدار

- (a) قضیه‌ی retiming برای تبدیل مدارها و الگوریتم‌های هم‌گام به تپنده
- (b) استفاده از این قضیه در حل مسئله‌ی معادلات خطی، اجزای هم‌بند و بستر تعدی
- (c) شبکه‌های مرتب‌ساز (Batcher، زوج-فرد)
- (d) جست‌وجو و عملیات بر روی فرهنگ‌داده‌ای
- (e) محاسبات پیشوندی، FFT



۶. الگوریتم‌های موازی مبتنی بر توری

- (a) الگوریتم‌های مرتب‌سازی: Shearsort
- (b) الگوریتم‌های پردازش تصویر و هندسه‌ی محاسباتی
- (c) مسیردهی بسته‌ها (packet routing)
- (d) عملیات ماتریسی (حل معادلات خطی)
- (e) الگوریتم‌های گراف

۷. معماری‌های با قطر کم (خانواده‌ی فوق مکعب)

- (a) ساختارهای «توری از درخت‌ها»، فوق مکعب، پروانه‌ای، برش تعویض
- (b) جاده‌ی ساختارهای ساده در فوق مکعب
- (c) الگوریتم‌های مختلف (مرتب‌سازی، ماتریسی...)
- (d) الگوریتم‌های گراف
- (e) مسیردهی و داده‌پراکنی
- (f) الگوریتم‌های نرمال بر روی این ساختارها
- (g) شبیه‌سازی الگوریتم‌های موازی از یک مدل به مدل دیگر

آزمون - تمرین - گزارش پژوهشی

- تمرین‌های نظری، ۴-۵ عدد (۱۵ درصد نمره)
- ۲ یا ۳ تمرین عملی با استفاده از MPI (۱۵ درصد نمره)
- پژوهش: به هر دانش‌جو مقاله‌ی عمیقی از مفاهیم درس داده می‌شود. او باید مقاله را بخواند و در انتهای درس در جلسه‌ای آن را ارائه نماید و نشان دهد که با جزئیات کامل آن را فهمیده است. اگر بر روی این موضوع کار پژوهشی جدی انجام دهید، امتیاز ویژه و اضافی خواهید گرفت. (۱۵ درصد نمره)
- آزمون میان‌ترم (۲۵ درصد نمره)
- آزمون نهایی (۳۰ درصد نمره)

مراجع اصلی

- B. Parhami, *Introduction to Parallel Processing: Algorithms and Architectures*, Plenum Press, 2000.
- F.T. Leighton, *Introduction to Parallel Algorithms and Architectures: Arrays, Trees, Hypercubes*, Morgan Kaufmann, 1992.
- MPI Forum, *MPI: A Message-Passing Interface Standard*, April 1994.



داده پایگاه‌های بیوانفورماتیک

Bioinformatics Database Systems



دانشکده مهندسی کامپیوتر

تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

توالی‌بندی 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 داده‌های که معرفی خواهند شد عبارتند از پایگاه داده‌های ژنوم همانند GenBank 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 آنها نیز بحث می‌شود.

ریز مواد

۱. مقدمه‌ای بر پایگاه داده‌های زیستی
۲. آشنایی با داده پایگاه های توالی و ساختار نظیر NCBI, EMBL, PDB, Uniprot, String, Jaspas و...
۳. دسترسی مستقیم و واکنشی و پردازش اطلاعات از داده پایگاه های بیوانفورماتیک
۴. تولید یک داده پایگاه بیوانفورماتیک
۵. اتصال داده پایگاه بیوانفورماتیک با سرویس های تحت وب
۶. استانداردهای ذخیره سازی و تبادل اطلاعات بین داده پایگاه های بیوانفورماتیک
۷. داده پایگاه های اطلاعات بیمارستانی
۸. انجام پروژه عملی



مراجع اصلی

- Jason T.L. Wang and Katherine G. Herbert, Bioinformatics Database Systems, ISBN-13: 978-1439812471, CRC Press, 2013
- J. Y. Chen and A. S. Sidhu, Biological Database Modelling, Artech House, 2007.
- D. Higgins and W. Taylor, Bioinformatics: Sequence, Structure and Databanks: A Practical Approach, Oxford University Press, 2000.
- S. Letovsky, Bioinformatics: Databases and Systems, Kluwer Academic Publishers, 1999.
- H. Garcia-Molina, J. D. Ullman and J. D. Widom, Database Systems: The Complete Book, Prentice Hall, 2001.



ریاضیات و آمار پیشرفته زیستی

Advanced Mathematics and Statistics for bioinformatics

تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف این درس فراهم آوردن پایه‌های لازم برای تقویت عمق دانش ریاضیاتی دانشجویان می باشد.

ریز مواد

۱. روشهای برآورد
۲. آزمون فرضهای آماری
۳. محاسبه و تعدیل انواع مقادیر معنی دار بودن داده ها
۴. بازه های اطمینان
۵. آمار و استنباط بیزی
۶. شبکه های بیزی
۷. نرم افزارهای یادگیری و استنباط شبکه های بیزی
۸. نظریه گراف و مدلسازی شبکه های زیستی
۹. مدل‌های گرافیکی آماری
۱۰. نرم افزارهای آنالیز شبکه نظیر Cytoscape
۱۱. معادلات دیفرانسیل و سیستمهای دینامیک و کاربرد آن در زیست شناسی سیستمی
۱۲. مقدمه ای بر جبرخطی
۱۳. نرم افزارهای آنالیز شبکه معادلات دیفرانسیل و ODE ها

مراجع اصلی

- Yeagers, Edward K., James V. Herod, and Ronald W. Shonkweiler. An introduction to the mathematics of biology: with computer algebra models. Springer Science & Business Media, 2013.
- Fowler, Jim, Lou Cohen, and Phil Jarvis. Practical statistics for field biology. John Wiley & Sons, 2013.
- Matthew He and Sergey Petoukhov, Mathematics for bioinformatics: theory, methods and applications, Wiley Interscience, 2011.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

در این درس به بررسی نظریه بازیها و سیستم‌های چند عاملی (Multiagent Systems) و معرفی ابزارهای لازم برای تحلیل آنها می‌پردازیم. در قسمت دوم کلاس به مبحث طراحی مکانیزم و راههای طراحی بهینه آن خواهیم پرداخت.

ریز مواد

1. بازی‌ها

- a. مقدمه و تعریف (2 جلسه)
- b. نقطه تعادل نش (Nash Equilibrium) و مباحث مربوط به محاسبه آن در حالت‌های مختلف (5 جلسه)
- c. هزینه آشوب (Price of Anarchy) (2 جلسه)

2. طراحی مکانیزم

- a. مقدمه - قضایای امکان ناپذیری (Impossibility Theorems) (2 جلسه)
- b. مکانیزم VCG و مثالهای مرتبط (3 جلسه)
- c. مکانیزم‌های صادق و طراحی با پرداخت (3 جلسه)
- d. طراحی مکانیزم‌ها بدون پرداخت (4 جلسه)
- e. مزایده‌های ترکیبیاتی (4 جلسه)
- f. شبکه‌های اجتماعی و مسائل مربوطه (3 جلسه)

آزمون - تمرین - گزارش پژوهشی

- 3 تمرین (6 نمره)
- پروژه‌ی نهایی (6 نمره)
- میان ترم (4 نمره)
- آزمون نهایی (4 نمره)

مراجع اصلی

- N. Nisan, T. Roughgarden, E. Tardos, V. Vazirani, *Algorithmic Game Theory*, Cambridge University Press, 2007.
- Y. Shoham, K.L. Brown, *Multiagents Systems: Algorithmic, Game-Theoretic and Logical Foundations*, Cambridge University Press, 2008.



فرآیندهای تصادفی

Stochastic Processes



دانشکده مهندسی کامپیوتر

تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس آشنا کردن دانشجویان تحصیلات تکمیلی با مفاهیم فرآیندهای تصادفی و کاربردهای آن می باشد. این درس شامل مفاهیم پایه ای تئوری احتمال و فرآیندهای تصادفی، خواص فرآیندهای تصادفی از جمله ایستا و ارگودیک بودن آن ها، سیستم های تصادفی، فرآیندهای نقطه ای، پواسن، گاوسی و مارکوف و خواص آن ها، تئوری تخمین و انواع آن و سایر موضوعات مرتبط می باشد.

ریز مواد

1. تعریف فرآیندهای تصادفی
2. فرآیندهای تصادفی ایستا
3. آنالیز سیستم های تصادفی
4. فرآیندهای تصادفی ارگودیک
5. چند مثال از فرآیندهای تصادفی
 - a. فرآیند نقطه ای
 - b. فرآیند پواسن
 - c. فرآیند گاوسی
 - d. فرآیند مارکوف
6. بسندگی آماره
7. تئوری تخمین
8. زنجیر مارکوف و مدل مارکوف مخفی
9. قدم زدن تصادفی

مرجع اصلی

- Papoulis, Athanasios, and S. Unnikrishna Pillai. *Probability, random variables, and stochastic processes*. Tata McGraw-Hill Education, 2002.
- Ross, Sheldon M. *Introduction to probability models*. Academic press, 2014.
- Casella, George, and Roger L. Berger. *Statistical inference*. Vol. 2. Pacific Grove, CA: Duxbury, 2002.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

با وجود توسعه فناوریهای گوناگون برای درک بهتر سامانه های زیستی، انجام آزمایش جهت به دست آوردن داده های زیستی اغلب بسیار پرهزینه و گاه با فناوری روز غیرعملی است. این در حالی است که انجام شبیه سازی با هزینه بسیار کمتر قادر است اطلاعات فراوانی از ساختار و نحوه عملکرد سامانه های زیستی استخراج کند. از آنجا که سامانه های زیستی در مقیاسهای گوناگون، از مقیاس زیر اتمی تا پیکره کامل یک موجود زنده گسترده شده اند، استفاده از شبیه سازی چندلایه ای در این سامانه ها رو به افزایش می باشد. این درس به ارائه روشهای موجود در شبیه سازی های بیومولکولی، سلولی و بافتی و نحوه استفاده همزمان از آنها می پردازد. در نهایت، دانشجویان با نحوه استفاده از شبیه سازی ها در ارائه روشهای درمانی و دارویی نوین آشنا خواهند شد.

ریز مواد

۱. مفهوم مدل کامپیوتری و کاربرد آن در زیست شناسی و پزشکی
۲. ارتباط مدل با واقعیت
۳. فرایندهای گسسته و پیوسته
۴. مدلهای قابل پیش بینی و تصادفی
۵. لایه های مختلف مدلسازی در فرایندهای زیستی
 - ۵.۱. مدل های کوانتومی
 - ۵.۲. دینامیک مولکولی
 - ۵.۳. مدل های درشت-ذره
 - ۵.۴. مدل های عامل-محور گسسته
 - ۵.۵. مدل های اجزای محدود
 - ۵.۶. مدل های شبکه ای-سلولی
۶. انتخاب لایه های مناسب برای یک مسئله زیستی
۷. تبادل داده ها بین لایه ها
۸. مدلسازی بر اساس آزمایش و طراحی آزمایش بر اساس مدل
۹. پردازش خروجی مدل
۱۰. قابلیت اطمینان مدلهای زیستی
۱۱. بررسی تطابق مدل با داده های آزمایشگاهی و بیمارستانی
۱۲. طراحی و بهبود راهکارهای درمانی بر اساس مدلسازی



- Joseph DiStefano, Dynamic Systems Biology Modeling and Simulation, Academic Press, 2013.
- James W. Haefner, Modeling Biological Systems: Principles and Applications, Springer, 2005.
- Andreas Kukol, Molecular Modeling of Proteins, Humana Press, 2014.
- Herbert M. Sauro, Systems Biology: An Introduction to Pathway modeling, Ambrosius Publishing, 2014.



تحلیل شبکه‌های زیستی

Analysis of Biological Networks



دانشکده مهندسی کامپیوتر

تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش‌نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس فراگیری اصول و روش تحلیل انواع شبکه‌های زیستی نظیر شبکه‌های تنظیمی ژن، برهم‌کنش پروتئین‌ها، انتقال سیگنال‌ها و متابولیک می‌باشد.

ریز مواد

۱. مقدماتی بر نظریه‌ی گراف
۲. شبکه‌های تنظیم بیان ژن
۳. شبکه‌های برهم‌کنش پروتئین
۴. شبکه‌های سیگنال
۵. شبکه‌های متابولیک
۶. استخراج شبکه‌های زیستی از داده‌های گسترده
۷. اصول تحلیل شبکه‌های زیستی با استفاده از نرم افزار Cytoscape
۸. نوشتن App در نرم افزار Cytoscape
۹. روش‌های تعیین اولویت و تشخیص عناصر کلیدی در شبکه‌های زیستی



مراجع اصلی

- Junker, Björn H., and Falk Schreiber. Analysis of biological networks. Vol. 2. John Wiley & Sons, 2011.
- Horvath, Steve. Weighted network analysis: applications in genomics and systems biology. Springer Science & Business Media, 2011.
- Choi, S. (2010). Systems Biology for Signaling Networks. (S. Choi). New York, NY: Springer Science & Business Media.





تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

هدف از این درس معرفی مفاهیم انفورماتیک پزشکی (MI) شامل اهداف، استانداردها و کاربردهای آن بخصوص در محیط های بالینی میباشد. دانشجویان همچنین مقدمات لازم برای آغاز تحقیق در این حوزه را کسب می نمایند. تاکید این درس بر پردازش داده های بالینی به کمک ابزارهای محاسباتی علم کامپیوتر میباشد.

ریز مواد

۱. مقدمه
۲. استانداردهای پزشکی (DICOM و HL7)
۳. HIS, RIS, PACS, IHE و جریان کار
۴. داده های حجیم در بیمارستانها
۵. تصاویر پزشکی و پرتونگاری
۶. رادیولوژی از راه دور
۷. قابلیت اطمینان و مولفه های آن
۸. مدلسازی و بهینه سازی کارایی بالینی
۹. بکارگیری عملی مداینفورماتیک در بیمارستانها
۱۰. مسائل زمانبندی جریان بیمار
۱۱. سیستمهای پشتیبان تصمیم بالینی
۱۲. توسعه نرم افزارهای بالینی و استارتاپ های پزشکی



مراجع اصلی

- Oleg S. Panykh, "Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM): A Practical Introduction and Survival Guide", Springer, 2016. ISBN10: 3662518481.



تعداد واحد: 3	نوع درس: اختیاری
پیش نیاز: -	

کلیات

مطرح بودن بهینه سازی در بسیاری از مسائل مهندسی کامپیوتر و عدم آشنایی منسجم دانشجویان با این روش‌ها، سبب شده است که دانشجویان نتوانند به نحو مناسبی روش‌های بهینه سازی را در تشریح خود به کار ببرند. هدف در این درس بررسی منسجم الگوریتم‌های بهینه سازی، آشنایی دانشجویان با روش‌های مختلف و شرایط به کارگیری آنهاست.

ریز مواد

۱. هدف بهینه سازی و اهمیت آن، انواع مسائل بهینه سازی (خطی، غیرخطی، مقید، نامقید و ...)
۲. مقدمات ریاضی لازم در بهینه سازی (آنالیز توابع چند متغیره، گرادیان، و هسین...)
۳. مجموعه‌ها و توابع محدب
۴. مسائل بهینه سازی محدب
۵. تئوری دوگانگی و شرایط بهینگی
۶. کاربرد بهینه سازی در مسائل هندسی (تصویر کردن، طبقه بندی، تمایز خطی و غیرخطی)
۷. کاربرد بهینه سازی در تقریب و پردازش (تقریب نرم، مسائل نرم کمینه، درون یابی، پردازش توابع)
۸. کاربرد بهینه سازی در تخمین (تخمین توزیع پارامتری، تخمین توزیع غیرپارامتری، آزمون فرضیه)
۹. الگوریتم‌های بهینه سازی نامقید
۱۰. الگوریتم‌های بهینه سازی یا قیود تساوی
۱۱. الگوریتم‌های بهینه سازی مقید
۱۲. برنامه‌ریزی خطی



مراجع اصلی

- S. Boyd, L. Vandenberghe, *Convex Optimaization*, Cambridge, 2004.
- D. G. Luenberger, Y. Ye, *Linear and Nonlinear Programming*, Springer, Third Edition, 2008.
- J. Nocedal, S.J. Wright, *Numerical optimization*, Springer, 1999.

مباحث ویژه در بیوانفورماتیک
Special Topics in Bioinformatics



دانشکده مهندسی کامپیوتر

نوع درس: اختیاری	تعداد واحد: 3
پیش نیاز: -	

کلیات

مباحث این درس بر اساس نظر گروه تعیین می شود.

