

## האוניברסיטה העברית בירושלים

סילבוס

מבוא לביואינפורמטיקה - מורחב - 94510

תאריך עדכון אחרון 19-10-2022

נקודות זכות באוניברסיטה העברית: 5

תואר: בוגר

היחידה האקדמית שאחראית על הקורס: מדעים ביורפואיים

השנה הראשונה בתואר בה ניתן ללמוד את הקורס: 0

סמסטר: סמסטר א'

שפת ההוראה: עברית

קמפוס: עין כרם

מורה אחראי על הקורס (רכז): ד"ר יותם דרייאר

דוא"ל של המורה האחראי על הקורס: [yotam.drier@mail.huji.ac.il](mailto:yotam.drier@mail.huji.ac.il)

שעות קבלה של רכז הקורס: בתיאום מראש במייל

מורי הקורס:

ד"ר יותם דרייאר,  
מר אלעד שרון,  
גב רחל רפפורט,  
גב שירה פישר

#### תאור כללי של הקורס:

בקורס נלמד שיטות בסיסיות ומתקדמות לניתוח רצפים במחשב, כגון: שימוש במסדי הנתונים, השוואת רצפים, אפיון מוטיבים משותפים, נבוי מבני של חלבון, אפיון משפחות חלבונים, אנליזות של שיטות גנומיות מבוססות ריצוף. שיטות אלה ייושמו על שאלות ביולוגיות ספציפיות כגון אפיון מינים חדשים ומחקר סרטן. בהרצאות יינתן הבסיס לשיטות החישוביות תוך הדגמתן על שאלות ביולוגיות ספציפיות, ובתרגילים יערך התרגול המעשי של שיטות אלה. הקורס מתקדם בהדרגה משיטות בסיסיות להשוואת רצפי גנים ומציאת מוטיבים רצפיים עד לאנליזות מתקדמות של מידע גנומי.

#### מטרות הקורס:

המהפכה הגנומית והשיטות הניסיוניות עתירות הנתונים שפותחו בעקבותיה הביאו לכך שהביואינפורמטיקה הפכה לחלק אינטגרלי מהמחקר הביולוגי. מחקרים רבים מייצרים כמות עצומה של נתונים המחייבים ניתוח ממוחשב. כמו כן קיים מידע רב בבסיסי נתונים שעיבודו מצריך שיטות ממוחשבות. יידע בגישות חישוביות לעיבוד מידע ביולוגי הוא חיוני במחקר הביולוגי המודרני. מטרתו של הקורס ללמד את השיטות החישוביות הללו, תוך כדי הדגמתן על נושאים ביולוגיים ספציפיים. בהרצאות יוצג הבסיס התאורטי של השיטות ויודגם השימוש בהן במחקר, כאשר תשומת לב מיוחדת תוקדש להערכה ביקורתית של התוצאות, והבנת האתגרים בפיתוח ויישום שיטות ביואינפורמטיות. התרגול המעשי של השיטות יעשה בשיעור התרגיל. מטרת הקורס להקנות לסטודנטים את היכולת לנצל את הכלים החישוביים הרלוונטיים ולשלבם במחקר ביולוגי באופן מושכל.

#### תוצרי למידה

##### בסיומו של קורס זה, סטודנטים יהיו מסוגלים:

להפעיל כלים ביואינפורמטיים מתאימים לשאלה הביולוגית אותה הם חוקרים ולנתח את התוצאות באופן מושכל. בפרט, הסטודנטים ילמדו: להתמצא ולשלוף ממאגרי מידע ממוחשבים מידע מסוגים שונים, כגון מידע גנומי, נתוני ביטוי גנים, מידע אפיגנטי, נתונים על גידולים סרטניים וכו'; להשוות בין שני רצפים ובין רצף למאגרי רצפים; לאפיין רצף של חלבון, להשוות בין חלבונים, לזהות מוטיבים חוזרים; לאפיין אתרי קשירה של חלבונים לדנ"א ולזהות גנים סמוכים; להשוות ביטוי גנים בין תנאים שונים; לאתר גנים שמשתנים בסרטן, לזהות תתי סוגים של סרטן ולהשוות ביניהם, לקשר בין שינויים גנומיים ומאפיינים קליניים וכו'; לנתח תוצאות של ניסויים עתירי נתונים (seq-RNA, seq-ChIP וכו'); לזהות העשרה בין קבוצות גנים ולחזות תהליכים ביולוגיים קשורים; לנתח שמירות אבולוציונית ולאפיין מינים חדשים; לאפיין חלבונים לפי הרכב הדומיננים בחלבון, לנבא מבנה של חלבון וקשר פונקציונלי בין חלבונים; ועוד.

#### דרישות נוכחות (%) :

חובת נוכחות בשעורי הצגת הפרויקטים. חובת הגשת תרגילי כתה (ללא ציון) בתרגולים.

---

שיטת ההוראה בקורס: הרצאה ותרגול

רשימת נושאים / תכנית הלימודים בקורס:

מהפכת הריצוף, ביולוגיה עתירת נתונים ומאגרי מידע.  
השוואת שני רצפים והשוואה כנגד בנק רצפים.  
ניתוח נתוני ביטוי גנים ושחבור חלופי.  
אפיון אפיגנטי - מתילציה של דנ"א ושינויים בזנבות היסטונים.  
ביואנפורמטיקה במחקר סרטן ורפואה מותאמת אישית.  
ניתוח רצפי חלבונים, קשר פונקציונלי בין חלבונים וניבוי מבנה חלבונים.  
שמירות אבולוציונית ואבולוציה מולקולרית.

חומר חובה לקריאה:

אין

חומר לקריאה נוספת:

*Bioinformatics and Functional Genomics / Jonathan Pevsner*

הערכת הקורס - הרכב הציון הסופי :

מבחן מסכם בכתב/בחינה בעל פה 0 %  
הרצאה 10 %  
השתתפות 10 %  
הגשת עבודה 0 %  
הגשת תרגילים 40 %  
הגשת דו"חות 0 %  
פרויקט מחקר 40 %  
בחנים 0 %  
אחר 0 %

מידע נוסף / הערות: