

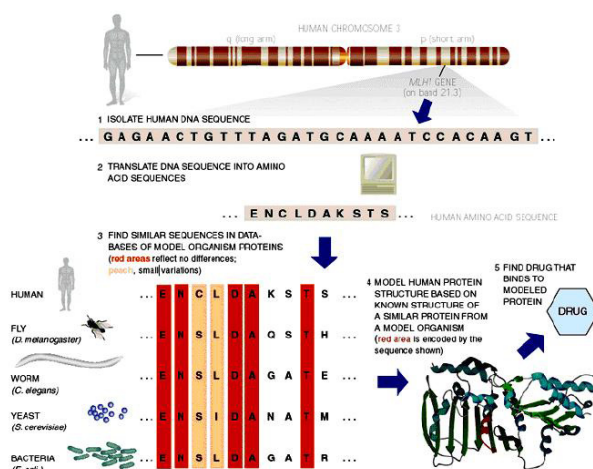
به منظور مقایسه و پیشگویی ساختمان سه بعدی پروتئین‌ها، و نیز آنالیز ژن‌ها و هاپلوتیپ‌ها اجرا خواهد شد. توسعه چنین ابزارهایی به دانش استفاده از نظریه‌های محاسباتی همراه با دانش زیست‌شناسی نیاز دارد. این هسته با ترکیب حداقلی از افراد علاقه‌مند که دارای چند سال تجربه در این زمینه هستند شکل گرفته است و تلاش خواهد کرد علاوه بر تحقیقات بنیادی در بیوانفورماتیک زمینه‌ساز تربیت نسلی از متخصصین در این رشته جدید علمی در کشور باشد.

حمید پزشک
دانشگاه تهران



هسته تحقیقاتی بیوانفورماتیک در پژوهشگاه کامپیوتر - پژوهشگاه دانشهای بنیادی

روش‌های بیوانفورماتیک در آینده نزدیک قادر خواهند بود از میان انبوه اطلاعات زیستی نتایجی کاربردی استخراج کنند. به عنوان مثال، بیوانفورماتیک می‌تواند در زمینه شناسایی علل و نیز یافتن راه‌های درمان بیماری‌ها مورد استفاده قرار گیرد. مثلاً ۱ MLH یک ژن انسانی است که یک پروتئین ترمیم کننده اشتباهات (mmr) را کد می‌کند و در کروموزوم ۳ قرار دارد. از طریق آنالیز ژنتیکی و تشابه آن با ژن‌های mmr در موش، نشان داده شده است که این ژن در سرطان روده بزرگ دخالت دارد. با داشتن توالی نوکلئوتیدی، توالی اسیدهای آمینه پروتئین کد شده را می‌توان با استفاده از نرم‌افزارهای ترجمه پیدا کرد. از روش‌های جستجوی توالی می‌توان برای پیدا کردن همولوگ‌ها در موجودات مدل آزمایشگاهی (مانند موش) استفاده کرد و براساس تشابه توالی می‌توان ساختمان پروتئین انسانی را با استفاده از ساختمان‌هایی که به طور تجربی تعیین شده‌اند مدل‌سازی نمود. در نهایت با الگوریتم‌های docking می‌توان داروهایی را که می‌توانند به این ساختمان متصل شوند طراحی و از سنجش‌های بیوشیمیایی برای تست فعالیت زیستی آن بر روی پروتئین واقعی استفاده کرد.



دعوت به ارسال خبر

خبرنامه انجمن ریاضی ایران از کلیه اعضای انجمن (به‌ویژه نمایندگان محترم انجمن در دانشگاه‌ها) صمیمانه دعوت می‌نماید که با ارسال اخبار (ترجیحاً الکترونیکی)، مقالات، جملات کوتاه (ترجمه یا تألیف)، گزارش همایش‌ها، نکات خواندنی، دیدگاه‌ها، آگهی‌ها و ... به نشانی انجمن ریاضی ایران (همراه با نشانی کامل و تلفن تماس) به اعتلای اطلاعات جامعه ریاضی کشور کمک نمایند.

اخبار و مقالات ارسالی پس از تصویب، همراه با نام نویسنده در خبرنامه درج خواهد شد.

هیأت تحریریه خبرنامه انجمن ریاضی ایران

در هسته تازه تأسیس بیوانفورماتیک در پژوهشگاه دانش‌های بنیادی که اخیراً توسط آقایان دکتر مهدی صادقی (گروه بیوانفورماتیک، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری)، دکتر چنگیز اصل‌آچایی (دانشکده علوم ریاضی، دانشگاه شهید بهشتی) و دکتر حمید پزشک (بخش آمار، دانشکده ریاضی، آمار و علوم کامپیوتر، پردیس علوم، دانشگاه تهران) شکل گرفته است، دو هدف دنبال خواهد شد. نخست، تلاش برای طراحی و توسعه پایگاه‌های داده‌های زیستی به منظور ساماندهی و تسهیل دسترسی پژوهشگران به داده‌های جدید، و دوم، توسعه ابزارها و روش‌های مفید در تحلیل داده‌ها. به طور خاص، در این هسته پروژه‌هایی