

## ĐỀ CƯƠNG CHI TIẾT HỌC PHẦN

Tên học phần : **Tin Sinh học (Bioinformatics)**  
Mã số học phần : **CS605**  
Số tín chỉ : 2 (15 tiết lý thuyết, 30 tiết thực hành)  
Bộ môn phụ trách : Bộ môn Công nghệ Sinh học Phân tử  
Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học  
Tên giảng viên : TS. Trần Nhân Dũng, Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học  
Điện thoại : 0909051334 E-mail: tndung@ctu.edu.vn  
Tên người cùng tham gia giảng dạy:  
PGS.TS. Cao Ngọc Điệp, Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học  
Điện thoại : 0913833792 E-mail: cndiep@ctu.edu.vn

### Phương pháp đánh giá:

- Thực hành: 40%
- Kiểm tra cuối kỳ: 60%

**Mô tả học phần:** Học phần cung cấp các kiến thức cơ bản về Tin Sinh học. Học viên sẽ được trang bị kiến thức để truy cập dữ liệu công nghệ sinh học trên Internet, cách sử dụng các cơ sở dữ liệu này. Học viên sẽ được cung cấp kiến thức thực hành các phần mềm phổ biến: Clustal X, DNA club, FastPCR, Mega 4, PyMol, SeqVerter, TreeView, Biodiversity Pro, Bioedit, PAUP 4... giúp thiết kế các đoạn mồi cho phản ứng PCR, tìm kiếm cũng như phân tích các trình tự DNA của các phân đoạn đặc trưng; Phân tích cấu trúc các dạng phân đoạn DNA hay protein của các bộ gen sinh vật giúp chúng ta chẩn đoán (molecular diagnosis) nhận diện (moleculular identification), phân loại (molecular classification & molecular taxonomy), nghiên cứu phả hệ (molecular phylogeny) và tiến hoá lịch sử (molecular evolutionary history).

**Học phần tiên quyết:** Cơ sở Công nghệ Sinh học (CS604)

**Mục tiêu:** Học phần này nhằm trang bị kiến thức cơ bản về tin sinh học cho học viên. Tập huấn cho học viên làm quen với các phần mềm cơ bản thông dụng để giải quyết những vấn đề thường gặp phải trong nghiên cứu trình tự DNA và chuỗi acid amin.

### Nội dung:

- Chương 1. Giới thiệu đại cương về tin sinh học
- Chương 2. Phân tích trình tự DNA và acid amin
  - 2.1. Nguyên tắc
  - 2.2. Bài tập
- Chương 3. Phân tích trình tự DNA và chuỗi acid amin
  - 3.1. Giới thiệu: - Codon và Khung đóng mở (ORF). bản mã di truyền
  - 3.2. Phân tích phân đoạn DNA. Nucleotiques, định dạng FASTA. Giới thiệu phần mềm SeqVerter. Giới thiệu phần mềm DNAclub; Cách sử dụng DNAclub: tìm ORF. Tìm một trình tự trên một phân đoạn DNA với DNA Club. Tìm complement and reverse complement. Chuyển đổi trình tự DNA thành trình tự acid amin
  - 3.3. Chuyển đổi trình tự acid amin thành trình tự DNA. Mã nucleotide. Sử dụng EMBOSS website; Bài tập
- Chương 4. Thiết lập bản đồ enzyme giới hạn & thiết kế mồi
- Chương 5. Vẽ bản đồ phả hệ
- Chương 6. Microarray

### Tài liệu tham khảo:

1. Gray I. C. 2007. Bioinformatics for geneticists (Hierarchical exotoxicology mini series). Barnes M. R. (Editor). Wiley & Sons Publisher, UK. 350 pages.
2. Orengo C. A., Jones D. T. and Thornton J. M. 2005. Bioinformatics - genes, proteins & computer. Bios Scientific Publishers, UK. 293 pages.
3. Trần Nhân Dũng và Nguyễn Vũ Linh. 2011. Giáo trình Tin Sinh học. NXB Đại học Cần Thơ, Việt Nam. 154 trang.

HIỆU TRƯỞNG

GIÁM ĐỐC VIỆN NC&PT CNSH