کارگاه طراحی واکسن‌های نوترکیب با رویکرد بیوانفورماتیک و ایمونوانفورماتیک

کارگاه تخصصی ICBME2026 – سی‌وسومین کنفرانس ملی و یازدهمین کنفرانس بین‌المللی مهندسی پزشکی

اطلاعات عمومی کارگاه

عنوان کارگاه	**طراحی واکسن‌های نوترکیب با رویکرد بیوانفورماتیک و ایمونوانفورماتیک**
نوع کارگاه	کارگاه تخصصی ICBME2026
برگزارکننده	سی‌وسومین کنفرانس ملی و یازدهمین کنفرانس بین‌المللی مهندسی پزشکی
مدرس	دکتر فاطمه سفید (عضو هیات علمی دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی یزد)، دکتر هانیه شفیع‌نیا (عضو هیات علمی دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی یزد)
مدت زمان برگزاری	۴ ساعت
ساعت برگزاری	۱۸:۳۰-۱۳:۵۰
تاریخ برگزاری	۲۷ آبان
محل برگزاری	دانشگاه صنعتی اصفهان
ظرفیت کارگاه	محدود
نوع برگزاری	حضوری
زبان ارائه کارگاه	فارسی

موضوع و سرفصل‌ها

این کارگاه با هدف توانمندسازی شرکت‌کنندگان در طراحی منطقی و محاسباتی واکسن‌های نوترکیب برگزار می‌شود و مسیری گام‌به‌گام از دریافت توالی تا اعتبارسنجی نهایی ایمونوژن را پوشش می‌دهد.

در بخش نخست، شرکت‌کنندگان با نحوه دریافت توالی پروتئین از پایگاه‌های داده، جستجوی توالی‌های هم‌تاخته و هم‌ترازسازی چندگانه با استفاده از ماتریس‌های جایگزینی و الگوریتم‌های پیشرو آشنا می‌شوند. سپس پیش‌بینی ویژگی‌های ساختاری و عملکردی پروتئین شامل شناسایی سیگنال پپتید، تعیین توپولوژی غشایی، شناسایی دامنه‌های عملکردی و مناطق اختلال‌یافته، و تعیین اسیدهای آمینه محافظت‌شده و کلیدی در عملکرد پروتئین آموزش داده می‌شود.

در ادامه، دو رویکرد مکمل برای پیش‌بینی اپی‌توپ‌های سلول B ارائه می‌گردد: رویکرد مبتنی بر توالی با استفاده از سرورهایی که از شبکه‌های عصبی مصنوعی، مدل پنهان مارکوف و ماشین بردار پشتیبان بهره می‌برند و خواص فیزیکوشیمیایی نظیر آب‌دوستی، انعطاف‌پذیری، دسترسی‌پذیری و چرخش‌پذیری را ارزیابی می‌کنند؛ و رویکرد مبتنی بر ساختار سه‌بعدی که با معیارهایی همچون دسترسی سطحی، انرژی زنجیره‌های جانبی، صفحه‌بودن سطح، ترکیب ساختار دوم و امتیاز تماس، اپی‌توپ‌های ناپیوسته (ساختاری) را شناسایی می‌کند. سپس پیش‌بینی MHC کلاس I و II شامل معرفی مسیرهای پردازش و ارائه آنتی‌ژن، ابزارهای پیش‌بینی اتصال پپتید به مولکول‌های MHC نظیر NetMHC وNetMHCI، تعیین اپی‌توپ‌های سلولT، محاسبه امتیاز اتصال، آستانه‌های تشخیصی، پیش‌بینی ایمونوژنیسیته و انتخاب پپتیدهای کاندید برای تحریک پاسخ ایمنی سلولی ارائه می‌شود.

در گام بعد، انتخاب مناطق ایمنی‌زا از طریق تجمیع نتایج حاصل از هر دو رویکرد توالی‌محور و ساختارمحور، و بر اساس معیارهایی نظیر تراکم اپی‌توپ‌ها، احتمال آنتی‌ژنیسیته و خواص فیزیکوشیمیایی مطلوب انجام می‌گیرد. در نهایت، اعتبارسنجی نهایی مناطق

منتخب شامل پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی مناطق انتخابی، ارزیابی مجدد احتمال آنتی‌ژنیسیته، محاسبه دقیق خواص فیزیکوشیمیایی (وزن مولکولی، نقطه ایزوالکتریک، شاخص ناپایداری و آب‌گریزی)، پیش‌بینی حلالیت و مقایسه نتایج با کل پروتئین هدف آموزش داده می‌شود.

این کارگاه ترکیبی از آموزش مفهومی و تمرین عملی با سرورها و نرم‌افزارهای رایج است تا فراگیران قادر به طراحی، غربالگری و ارزیابی یک کاندید واکسن نوترکیب به‌صورت مستقل باشند.

این کارگاه با هدف توانمندسازی شرکت‌کنندگان در طراحی منطقی و محاسباتی واکسن‌های نوترکیب برگزار می‌شود و مسیری گام‌به‌گام از دریافت توالی تا اعتبارسنجی نهایی ایمونوژن را پوشش می‌دهد. در این راستا، شرکت‌کنندگان با اصول و ابزارهای بیوانفورماتیک و ایمونوانفورماتیک شامل تحلیل توالی، پیش‌بینی ساختار و عملکرد پروتئین، شناسایی اپی‌توپ‌های سلول B و T، ارزیابی ایمونوژنیسیته و بررسی خواص فیزیکوشیمیایی آشنا می‌شوند. رویکرد کارگاه ترکیبی از آموزش مفهومی و تمرین عملی با سرورها و نرم‌افزارهای رایج است تا فراگیران قادر به طراحی، غربالگری و ارزیابی یک کاندید واکسن نوترکیب به‌صورت مستقل باشند.

سرفصل‌ها

دریافت توالی و جستجوی هم‌تایی: نحوه دریافت توالی پروتئین از پایگاه‌های داده، جستجوی توالی‌های هم‌تاخته و هم‌ترازسازی چندگانه با استفاده از ماتریس‌های جایگزینی و الگوریتم‌های پیشرو.

۲ .پیش‌بینی ویژگی‌های ساختاری و عملکردی: شناسایی سیگنال پپتید ، تعیین توپولوژی غشایی، شناسایی دامنه‌های عملکردی و مناطق اختلال‌یافته، و تعیین اسیدهای آمینه محافظت‌شده و کلیدی در عملکرد پروتئین.

۳ .پیش‌بینی اپی‌توپ‌های سلول B بر اساس توالی: استفاده از سرورهای مبتنی بر توالی که از روش‌هایی نظیر شبکه‌های عصبی مصنوعی، مدل پنهان مارکوف و ماشین بردار پشتیبان بهره می‌برند، همراه با ارزیابی خواص فیزیکوشیمیایی مانند آب‌دوستی، انعطاف‌پذیری، دسترسی‌پذیری و چرخش‌پذیری.

۴ .پیش‌بینی اپی‌توپ‌های سلول B بر اساس ساختار سه‌بعدی: به‌کارگیری سرورهای مبتنی بر ساختار که با استفاده از معیارهایی همچون دسترسی سطحی، انرژی زنجیره‌های جانبی، صفحه‌بودن سطح، ترکیب ساختار دوم و امتیاز تماس، اپی‌توپ‌های ناپیوسته (ساختاری) را شناسایی می‌کنند.

۵. پیش‌بینی MHC کلاس I و II : معرفی مسیرهای پردازش و ارائه آنتی‌ژن و ابزارهای پیش‌بینی اتصال پپتید به مولکول‌های MHC کلاس I و II (نظیر NetMHC و NetMHCII)؛ تعیین اپی‌توپ‌های سلول T، محاسبه امتیاز اتصال، آستانه‌های تشخیصی، پیش‌بینی ایمونوژنیسیته و انتخاب پپتیدهای کاندید برای تحریک پاسخ ایمنی سلولی.

۶ .انتخاب مناطق ایمنی‌زا: تجمیع نتایج حاصل از هر دو رویکرد توالی‌محور و ساختارمحور، و انتخاب مناطق کاندید بر اساس معیارهایی نظیر تراکم اپی‌توپ‌ها، احتمال آنتی‌ژنیسیته و خواص فیزیکوشیمیایی مطلوب.

۷ .اعتبارسنجی نهایی مناطق منتخب: پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی مناطق انتخابی، ارزیابی مجدد احتمال آنتی‌ژنیسیته، محاسبه دقیق خواص فیزیکوشیمیایی (وزن مولکولی، نقطه ایزوالکتریک، شاخص ناپایداری و آب‌گریزی)، پیش‌بینی حلالیت و مقایسه نتایج با کل پروتئین هدف.

توجه: ظرفیت کارگاه محدود به ظرفیت سالن است و ثبت‌نام پس از تکمیل ظرفیت متوقف خواهد شد.