

Студијски програм: МАС Молекуларна и функционална биологија			
Назив предмета: Виши курс геномике			
Наставник/наставници: Миломир Стефановић			
Статус предмета: изборни			
Број ЕСПБ: 7			
Услов:			
Циљ предмета			
Предмет представља надоградњу знања стечених на основном курсу геномике, са циљем да студенте упозна са могућностима примене геномских метода у другим областима биологије, као и да студенте упозна са математичким моделима и алгоритмима за обраду геномских података.			
Исход предмета			
Након успешно реализованих предиспитних и испитних обавеза студент је способан да:			
- сагледа могућности, предности и мане употребе савремених геномских технологија у решавању различитих биолошких питања			
- користи <i>Unix</i> окружење, саставља биоинформатичке кодове и успешно манипулише са основним форматима за чување геномских података			
- примени геномске методе у изучавању генетичких варијанти, експресији гена, метабаркодинг анализама и анализама асоцијације широм генома.			
Садржај предмета			
Теоријска настава			
Геномика и друге омике. Инцијативе и пројекти секвенцирања генома.Геномика као интердисциплинарна наука – развој и могућност примене геномских технологија у другим биолошким дисциплинама. Популациона и еволуциона геномика. Епигеномика. Метагеномика. Персонализована медицина. Математички модели и алгоритми у склапању генома.Глобално и локално поравнање секвенци. Математички модели и алгоритми за анотацију генома. Приступу у откривању варијанти генома.			
Практична настава			
Упознавање са основним командама у Linux-у. Увод у писање кода. Рад и манипулација са ДНК секвенцама у FASTQ формату. Мапирање на референтни геном (bwa). Алати за обраду поравнаних секвенци (SAM, BAM) са командне линије (samtools). Алати за манипулацију подацима у формату геномских интервала (BED, GTF, GFF). Алати за обраду података о варијабилности генома (VCF) са командне линије (vcftools). Анализа диференцијалне експресије гена заснована на употреби RNA-Seq података. Метабаркодинг анализа применом QIIME алата. Кораци у анализама асоцијације широм генома.			
Литература			
Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and functional genomics. Hoboken, New Jersey, USA: John Wiley & Sons.			
Haddock, S. H. D., & Dunn, C. W. (2011). Practical computing for biologists. Sunderland, MA, USA: Sinauer Associates.			
Buffalo, V. (2015). Bioinformatics data skills: Reproducible and robust research with open-source tools. Newton, MA, USA: O'Reilly Media, Inc.			
Број часова активне наставе		Теоријска настава: 2	Практична настава: 2+0+2
Методе извођења наставе			
Предавања, вежбе уз употребу рачунара и презентација студентских пројеката са групном дискусијом.			
Оцена знања (максимални број поена 100)			
Предиспитне обавезе	поена	Завршни испит	поена
активност у току предавања		писмени испит	
практична настава		усмени испт	50
колоквијум-и			
Студентски пројекат	50		