

Студијски програм: ОАС Молекуларна и функционална биологија			
Назив предмета: Биоинформатика и рачунарска биологија			
Наставници: Едвард Петри, Александра Клашња-Милићевић, Владимир Курбалија			
Статус предмета: обавезан			
Број ЕСПБ: 7			
Услов: нема			
Циљ предмета Упознавање и овладавање основним концептима биоинформатике и рачунарске биологије. Оспособљавање студената за имплементацију и практичну примену напредних рачунарских технологија за анализу, визуализацију и разумевање биолошких информација, повезујући области биологије од проучавања протеина и нуклеинских киселина до генетике, еволуције ћелијске биологије, ботанике и зоологије.			
Исход предмета На крају курса, очекује се да успешан студент демонстрира суштинско и свеобухватно разумевање презентованих техника биоинформатике и рачунарске биологије. Потребно је да кроз критичку анализу, избор и имплементацију студент прикаже примену техника у реалним и истраживачким проблемима.			
Садржај предмета <i>Теоријска настава</i> Увод у биоинформатику и рачунарску биологију. Улога биоинформатике у модерним биолошким истраживањима. Истраживање података у биоинформатици. Секвенцијална анализа (означавање генома, компаративна геномика, генетика болести, пан геномика, компутациона еволуциона биологија, генетски алгоритми, генетика болести, анализа мутација у раку). Анализа експресије гена и протеина. Анализа ћелијске организације (анализа микроскопских снимака, локализација протеина, анализа ћелијског језгра). Структурална биоинформатика. Анализа биолошких мрежа. Симулације биолошких процеса. Примена биоинформатике у биотехнологији и медицини. <i>Практична настава</i> Вежбе кроз конкретне примере из праксе у потпуности прате предавања. Методе за изучавање организације, структуре, функције и еволуције биолошких макромолекула. Коришћење база података (PDB, SWISS PROT, NCBI, BLAST, EBI....) неопходних за истраживања у модерној биологији. Методе и алати који се користе у биоинформатичкој анализи: претраживање биолошких база података у којима се чувају генетски или протеински подаци, екстракција информација из базе података, анализа структуре и функције биолошких макромолекула, анализа веза између гена, структуре и функције биомолекула, структурне основе генетичке конзервисаности, одређивање поравнања секвенци (нуклеотидних и аминокиселинских), креирање и анализа вишеструког поређења секвенци, FASTA и BLAST програми за поређење секвенци (протеина и гена), CLUSTAL и PSI-BLAST програми за вишеструко поређење протеинских и генских секвенци и предвиђање функције протеина. Предвиђање структуре гена на основу секвенце. Предвиђање физичко-хемијских особина протеина. Предвиђање секундарне структуре и 3Д структуре протеина. Предвиђање биомолекуларних интеракција: протеин-лиганд, протеин-протеин, протеин-ДНК, протеин-РНК.			
Литература 1. Едвард Петри, Анђелка Ћелић (2023) Протеини: структура, функција и методе анализе, ПМФ Нови Сад. 2. A. D. Baxevanis (Editor), G. D. Bader (Editor), D. S. Wishart (Editor) (2020) Bioinformatics, Wiley. 3. Balamurugan (Editor), Anand T. Krishnan (Editor), Dinesh Goyal (Editor), Balakumar Chandrasekaran (Editor), Boomi Pandi (Editor) (2021) Computation in Bioinformatics: Multidisciplinary Applications, Wiley. 4. Paul A. Gagniuc, Algorithms in Bioinformatics: Theory and Implementation, 2021, John Wiley & Sons, Inc. 5. Jenny Gu, Philip E. Bourne (2011) Structural Bioinformatics, second edition, Wiley-Blackwell. 6. Lesk Arthur (2014) Introduction to bioinformatics, Oxford University Press.			
Број часова активне наставе		Теоријска настава: 3	
		Практична настава: 0+3	
Методе извођења наставе Фронтална настава путем мултимедијалних презентација. Вежбе са индивидуалним радом на рачунару.			
Оцена знања (максимални број поена 100)			
Предиспитне обавезе		поена	
активност у току предавања		Завршни испит	
практична настава		писмени испит	
колоквијум-и		усмени испит	
семинар-и		40	
		60	