

Студијски програм : Биоинформатика			
Назив предмета: Биоинформатика и рачунарска биологија			
Наставник/наставници: Edward Petri, 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, ФАСТА и БЛАСТ програми за поређење секвенци (протеина и гена), КЛУСТАЛ и ПСИ-БЛАСТ 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. Andreas D. Baxevanis (Editor), Gary D. Bader (Editor), David S. Wishart (Editor), Bioinformatics, 4th Edition, 2020 John Wiley & Sons, Inc.			
2. . Balamurugan (Editor), Anand T. Krishnan (Editor), Dinesh Goyal (Editor), Balakumar Chandrasekaran (Editor), Boomi Pandi (Editor), Computation in Bioinformatics: Multidisciplinary Applications 1st Edition, 2021 John Wiley & Sons, Inc.			
3. Paul A. Gagniuc, Algorithms in Bioinformatics: Theory and Implementation, 2021, John Wiley & Sons, Inc.			
4. Jenny Gu, Philip E. Bourne (2011) Structural Bioinformatics, second edition, Wiley-Blackwell			
5. Lesk Arthur (2014) Introduction to bioinformatics, Oxford university press			
Број часова активне наставе	Теоријска настава: 3	Практична настава: 3	
Методе извођења наставе			
Фронтална настава путем мултимедијалних презентација. Вежбе са индивидуалним радом на рачунару.			
Оцена знања (максимални број поена 100)			
Предиспитне обавезе	поена	Завршни испит	поена
активност у току предавања		писмени испит	
практична настава		усмени испит	40
колоквијум-и	60	
семинар-и			