

Табела 5.2. Спецификација предмета

Студијски програм : Мастер 4.0.Биоинформатика
Назив предмета: Биоинформатички алати и базе података Шифра: 25MBIAB
Наставник/наставници: Марија Гавровић-Јанкуовић, Радивоје Продановић, Златанова Милена
Статус предмета: изборни
Број ЕСПБ: 6
Услов: нема услова
Циљ предмета Упознати студенте са применом биоинформатичких алата и метода за анализу секвенце гена и генома, анализу примарне, секундарне и моделовање 3Д структуре протеина. Обучавање студената за коришћење компјутерских програма и интернет сервиса који се користе у решавању проблема у биохемији, молекуларној биологији, и биотехнологији.
Исход предмета Студент је оспособљен да примењује биоинформатичке алате и методе за анализу секвенце гена и генома, анализу примарне, секундарне и моделовање 3Д структуре протеина и, као и да их користи у решавању проблема у биохемији, молекуларној биологији, и биотехнологији.
Садржај предмета <i>Теоријска настава</i> • Биоинформатика и Интернет. • НЦБИ модел података. • Банка података секвенци гена и генома. • Банка података структура протеина. • Банка података мапа гена у геному, протеин-кодирајуће секвенце ЕНСЕМБЛ • Екстракција информација из банке података коришћењем ЕНТРЕЗ система. • Претраживање банке података и поређење секвенци. • Креирање и анализа вишеструког поређења секвенци. • Предвиђање структуре гена на основу секвенце ДНК. • Предвиђање структуре коришћењем РНК секвенци • Предвиђање секундарних и 3Д структуре протеина на основу аминокиселинске секвенце. • Употреба цДНК секвенци (ЕСТ) за откривање протеин-кодирајућих ДНК секвенци. • Моделовање метаболичких путева КЕГГ. • Мапа хуманог генома. • Компаративна анализа генома и филогенетска анализа. • Атлас хуманих протеина • Биоинформатичке методе анализе повезаности протеинске секвенце и функције у протеинском инжењерингу и молекуларној биологији (Просар, Консезус, и Схема и Информациона Спектроскопска Метода за анализу протеинских и нуклеотидних секвенци итд.) • Проучавање литературе ће бити спроведено по моделу „Journal club“, односно дискусионни форум, где студенти заједно са наставницима анализирају актуелне научне публикације релевантне за предмет. <i>Практична настава</i> • Претраживање информација на Интернету. • НЦБИ модел података – примери (ГенБанк, ДДБЈ, ЕМБЛ) • Претраживање секвенци гена - примери. • Претраживање секвенци протеина - примери. • Практична употреба интернет ресурса за мапирање генома - примери. • Постављање питања ENTREZ систему - примери. • Употреба FASTA програма за поређење секвенци протеина. • Употреба BLAST програма за поређење секвенци (Нт БЛАСТ, Пр БЛАСТ, БЛАСТх, БЛАСТн).

- Употреба CLUSTAL V и PSI-BLAST програма за предвиђање функције протеина на основу вишеструког поређења секвенци протеина.
- Употреба помоћних програма (ALSKRIPT, AMAS, Jal View) приликом вишеструког поређења секвенци протеина.
- Проналажење протеин-кодирајућих ДНК секвенци коришћењем GENESKAN и MZEF програма.
- Предвиђање физичко-хемијских особина протеина коришћењем ExPASy система (пИ вредности, молекулске масе, пептидних мапа, хидрофобности, трансмембранских региона, сигналних секвенци, потенцијалних места гликозилације).
- Предвиђање секундарне структуре протеина коришћењем програма PREDATOR, SOPMA, PSIPRED и COILS.
- Предвиђање 3Д структуре протеина (АлфаФолд, СВИС-МОДЕЛ (SWISS-MODEL))
- Филогенетска анализа коришћењем програмског пакета PHILIP и интернет сервиса PhiloBLAST.
- Анализа метаболичких путева (флукс баланс анализа)
- Употреба компјутерских програма (Vector NTI, SnapGene) у дизајну ПЦР прајмера, рестрикционој анализи и клонирању ДНК.
- Дизајн протеина ПроСАР, Сцхема и консензус методом коришћењем „open source“ биоинформатичких програма.

Литература

- Andreas D. Baxevanis, Gary D. Bader, David S. Wishart: *Bioinformatics - A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*, John Wiley and Sons, 2020.

Помоћна литература

- *Current Protocols in Bioinformatics*, John Wiley and Sons, 2007.
- Arthur M. Lesk: *Introduction to Bioinformatics*, Oxford University Press, 2002.
- Jonathan Pevsner: *Bioinformatics and Functional Genomics*, John Wiley and Sons, 2003.
- Thomas Dandekar & Meik Kunz. *Bioinformatics*. Springer ISBN 978-3-662-65036-3, 2023
- М. Гавровић-Јанкуловић. Водич кроз биоинформатичке баз података. WUS Аустрија MSDP 003/2009
- Р. Продановић: Протеински инжењеринг, Универзитет у Београду - Хемијски факултет, 2019.

Број часова активне наставе

Теоријска настава: 2

Практична настава: 2

Сир: 1

Методе извођења наставе

Предавања, теоријске вежбе, семинарски радови.

Оцена знања (максимални број поена 100)

Предиспитне обавезе	Поена	Завршни испит	Поена
активност у току предавања		писмени испит	60
практична настава	10	усмени испит	
колоквијум-и		Теоријске вежбе	10
семинар-и	20		

