



<b>Назив предмета:</b> ПРИМЕЊЕНА БИОИНФОРМАТИКА		
<b>Статус предмета:</b> Изборни		
<b>Број ЕСПБ:</b> 12		
<b>Услов:</b> Уписан одговарајући семестар		
<b>Циљ предмета</b> СТИЦАЊЕ ЗНАЊА О НАПРЕДНИМ МЕТОДАМА БИОИНФОРМАТИКЕ И МАТЕМАТИЧКИМ МЕТОДАМА КОЈЕ СЕ ПРИМЕЊУЈУ У ОВОЈ ОБЛАСТИ.		
<b>Исход предмета</b> Студент треба да овлада основним концептима биоинформатике, да упозна начине на које се ДНК и РНК ланци секвенцирају и упоређују. Студент након овог курса треба да буде оспособљен за анализу и решавање биоинформатичких проблема коришћењем статистичких модела и модела машинског учења помоћу програмских окружења Python и R.		
<b>Садржај предмета</b> У оквиру курса Биоинформатика студент ће се најпре упознати са основама молекуларне биологије са информатичког аспекта, што се пре свега односи на протеине, нуклеинске киселине и биосинтезу протеина. Посебан део биће посвећен секвенцирању генома, значају секвенцирања (пореклу човека, третирање ћелија канцера, начинима на које геноми функционишу), као и начинима да се спроведе процедура секвенцирања. FASTQ формат за чување биолошких секвенци. Методе поравнања секвенци: двострука и вишеструка поравнања, BLAST и FASTA. Основе статистичког моделирања и машинског учења, R пакети за репрезентацију и манипулисање подацима. Изградња филогенетских стабала. Примена биоинформатике у биомедицини. Редукција димензионалности биоинформатичких података. Посебна пажња биће посвећена јавно доступним базама података које садрже податке о нуклеотидима и протеинима: UniProt, Genome Sequence DataBase (GSDb), база података националног центра за биотехнолошке информације (NCBI), европска архива за нуклеотиде (ENA), као и open-source алатима за претрагу ових ресурса. Додатно, студенти ће научити основе Семантичког Веба, који ће им омогућити приступ интегрисаним подацима са више репозиторијума истовремено (нпр. NCBI2RDF, Bio2RDF,...). Уланчавање биоинформатичких алата путем радних токова. Основе Линукс оперативног система, контејнеризација биоинформатичких алата, основе декларативног језика CWL, основни примери радних токова на Клауду уз употребу CWL алата.		
<b>Препоручена литература</b> <ol style="list-style-type: none"><li>1. Computational Biology: <i>Genomes, Networks, Evolution</i>. MIT course 6.047/6.878. Taught by Prof. Manolis Kellis. January 6, 2016.</li><li>2. Peter, Amstutz, R., Crusoe, Michael; Nebojša, Tijanić, Brad, Chapman, John, Chilton, Michael, Heuer, Andrey, Kartashov, Dan, Leehr, Hervé, Ménager, (2016-07-08). <i>Common Workflow Language</i>, v1.0</li><li>3. Тutorials доступни на <a href="https://www.commonwl.org/user_guide/">https://www.commonwl.org/user_guide/</a>, 2019.</li></ol>		
Број часова активне наставе	Теоријска настава: 7	Студијски истраживачки рад: 0
<b>Методе извођења наставе</b> Фронтални, индивидуални и практични.		
<b>Оцена знања (максимални број поена 100)</b> Семинарски рад: 40 поена, Писмени испит: 30 поена, Усмени испит: 30 поена		