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: обавезни

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 стуктуре 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

Теоријска настава

- 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 банки 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 метаболиичких 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 Спеткроскопска Метода за анализу протеинских и нуклеотидних секвенци итд.)
- Проучавање литературе ће бити спроведено по моделу „Journal club“, односно дискусиони форум, где студенти заједено са наставницима анализирају актуелне научне публикације релевантне за предмет.

Практична настава

- 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 испт	
колоквијум-и		Теоријске вежбе	**10**
семинар-и	**20**		