Табела 5.2. Спецификација предмета

Студијски програм : Интегрисане академске студије Медицина
Назив предмета: Принципи функционисања и начин коришћења биоинформатичких база података и алата
Наставник/наставници: Проф. др Иванка Караџић, проф. др Ивана Новаковић, в. проф. др Наташа Милић
Статус предмета: изборни
Број ЕСПБ: 2
Услов: уписана четврта година
Циљ предмета Основни циљ овог предмета је да укаже студентима на могућности које пружају доступне базе података и биоинформатички алати у анализи биомолекула, као и да их научи како да те погодности користе. Биоинформатика у генетици човека обухвата базе података и софтверске програме за чување и систематизацију података добијених структурном и функционалном анализом гена и генома. Овде спадају и информатички алати којима се пореде генске секвенце у оквиру исте или између различитих врста и региструју варијације у грађи ДНК типичне за нормално или патолошко стање. Биоинформатика у анализи протеина (протеинска биоинформатика) обухвата базе података и алате који помажу у интерпретацији резултата добијених протеомикс студијама а које воде не само познавању структуре протеина и њихових специфичних, међусобних интеракција, него и интеракција протеина са другим молекулима што, између осталог, води до откривања и дизајнирања нових хемијских ентитета који могу имати терапијски учинак.
Исход предмета 1. Познавање софтверских алата који омогућавају рад са великим базама биолошких података; 2. Познавање и употреба геномских и протеомских база података и биоинформатичких алата**.**
Садржај предмета *Предавања и вежбе* I Биоинформатика. Приступ софтверским алатима биће оријентисан ка Интернет доступним и бесплатним ресурсима. Софтверски алати који се користе у биоинформатици су софтверски програми за складиштење, претраживање и анализу биолошких података и екстракцију потребних информација из њих. Имајући у виду да су савремена истраживања у биоинформатици заснована на подацима (Data Driven), и да је количина података са којим се оперише у биоинформатици огромна, неопходно је упознавање студената са специфичним софтверско - хардверском окружењем: 1. Linux оперативни систем (инсталисање, приказ основних команди за манипулацију са фајловима); 2. Упознавање са софтверским алатима који омогућавају рад са огромним базама података, а за анализу биолошких података користе веома интензивна израчунавања: технике препознавање облика (паттерн рецогнитион), рударење по подацима (дата мининг), алгоритме машинског учења (мацхине леарнинг), као и савремене технике визуализације података (пример: стабла одлучивања). II Базе података и алати у анализи ДНК, гена и генома. Коришћење PubMed и сродних база за проналажење секвенце гена, идентификацију његове композиције, РНК транскрипта и протеинског продукта 1. Употреба софтвера за поређење гена и сродних секвенци у геному човека, и праћење ортологије гена током еволуције; 2. Коришћење база за претраживање патогених генских мутација и бенигних ДНК полиморфизама; 3. Употреба програма за креирање прајмера за PCR и формирање услова PCR реакције. III Базе података и алати у анализи протеина. Протеинска биохемија на комјутеру: PubMed и Expasy у проналажењу основних информација о протеину: назив, AC протеина, секвенца; FASTA формат; 1. Предикција основних физичко-хемијских особина протеина; *In silico* дигестија протеина, Предикција елемената секундарне структуре; Домени; Предикација пост-транслационих модификација (ПТМ); 2. BLAST; компарација 2 секвенце; Protein Data Bank (PDB)- од примарне до 3D структуре, алати на PDB.
Литература

1. Zhou W. Z., Li W., Shen H., Wang R. W., Chen W., Zhang Y., Zeng Q., Wang H., Yuan M., Zeng Z., Cui J., Li C. Y., Ye F. Y., Zhou Z. CHDbase: A Comprehensive Knowledgebase for Congenital Heart Disease-related Genes and Clinical Manifestations. Genomics Proteomics Bioinformatics. 2023 Feb;21(1):216-227.
2. Sen T., Verma N. K. Functional Annotation and Curation of Hypothetical Proteins Present in A Newly Emerged Serotype 1c of Shigella flexneri: Emphasis on Selecting Targets for Virulence and Vaccine Design Studies. Genes (Basel). 2020 Mar 23;11(3):340.
3. Tripathi D., Kapoor A., Bulbul, Pankaj, Kant R., Saluja D., Sharma M. Functional annotation of Candida albicans hypothetical proteins: a bioinformatics approach. Arch Microbiol. 2024 Feb 23;206(3):118.

Број часова активне наставе 30	**Теоријска настава: 20**	**Практична настава: 10**

Методе извођења наставе*

20 часова предавања, 5 часова самостални рад студената и 5 часова практична настава

*предмет се може реализовати и *online* на порталу Медицинског факултета Унивезитета у Београду

Оцена знања (максимални број поена 100)

Предиспитне обавезе	поена	**Завршни испит**	поена
Активност у току предавања	10	Израда и презентација семинарског рада	70
Практична настава			
Колоквијум			
Семинари	20		

Начин провере знања могу бити различити наведено у табели су само неке опције: (писмени испити, усмени испт, презентација пројекта, семинари итд.....

*максимална дужна 2 странице А4 формата