

UNIVERZITET „DŽEMAL BIJEĐIĆ“ U MOSTARU FAKULTET INFORMACIJSKIH TEHNOLOGIJA			
Naziv predmeta:	Strukturna bioinformatika proteina i bioaktivnih molekula		Šifra predmeta: 0000
Nivo ciklusa, godina studija, semestar	akademski dodiplomski studij I ciklusa akademski diplomski studij II ciklusa		godina: IV ili V / semestar: 8 ili 10
Voditelj predmeta:	Dr.sc. Jadranko Batista, docent		
Kontakt detalji:	E-mail: jadranko.batista@fpmoz.sum.ba		Pon-Pet 15-16
Ukupan broj sati predmeta u semestru:	Sati predavanja: 30	Sati vježbi: 30	Ukupan broj sati za polaganje ispita:
Bodovna vrijednost ECTS-a:	6		
Matična kvalifikacija:	<i>Bachelor informacijskih tehnologija (180 ECTS)</i> – Usmjerenje bioinformatičar		
Status predmeta:	Obavezni		
Preduslovi za polaganje predmeta:			
Ograničenja pristupa predmetu:	<i>studenti FIT-a i studenti na razmjeni</i>		
Obrazloženje bodovne vrijednosti:	Broj ECTS bodova odgovara broju sati potrebnom za realizaciju nastavnih obaveza i pripremu ispita.		
Cilj predmeta:	Upoznavanje s općim svojstvima proteina i bioaktivnih molekula. Opća načela modeliranja svojstava i aktivnosti. Razumijevanje i izrada postupka modeliranja svojstava ili aktivnosti bioloških molekula. Usvajanje znanja potrebnoga za kritičku analizu znanstvenih rezultata u tom području.		
Opis općih i specifičnih kompetencija (znanja i vještina) /ishod učenja:	Svladavanje metodologije za provedbu modeliranja. Razumijevanje osnovnih načela modeliranja svojstava i aktivnosti proteina i bioaktivnih molekula. Poznavati, sistematizirati, koristiti i analizirati bioinformatičke modele i metode., Poznavati ograničenja teorijskih bioinformatičkih metoda i modela.		
Okvirni sadržaj predmeta:	Pregled baza podataka i poslužitelja za modeliranje u strukturnoj bioinformatici, i njihovo korištenje. Pregled metoda za modeliranje svojstava stukture proteina. Algoritmi za izbor modela. Izbor reprezentativnog skupa proteina i bioaktivnih molekula za analizu, i uključivanje sličnosti. Pregled metoda za modeliranje svojstava stukture bioaktivnih molekula. Opisivanje strukturnih posebnosti bioaktivnih molekula s pomoću molekularnih strukturnih deskriptora. Analiza parametara i kvalitete modela s obzirom na provedbu postupka učenja i provjeru točnosti predviđanja modela. Pregled točnosti postojećih metoda u predviđanju farmakoloških svojstava bioaktivnih molekula i svojstava i stukture proteina. Modeliranje sekundarne strukture, konstanti savijanja i razmotavanja proteina, stukturalne klase, udjela sekundarne strukture, položaja proteina u stanici, i drugih globalnih svojstava proteina. Modeliranje 3D strukture na temelju sličnosti. Modeliranje strukture i topologije membranskih proteina. Modeliranje fizikalno-kemijskih svojstava (topljivost, lipofilnost, transport, apsorpcija), biološke aktivnosti i toksičnosti bioaktivnih molekula.		
Oblici provođenja nastave/metode učenja:	In-situ: predavanja, prezentacije, individualno i grupno rješavanje problema On-line nastava i: konsultacije, individualno i grupno rješavanje problema		
Ostale obaveze studenta (ako se predviđaju):			
Način provjere znanja/ način polaganja ispita i % težinskog faktora provjere znanja:	Ispit se u pravilu polaže pismeno, parcijalno ili integralno. Aktivnost na nastavi (on-line ili in-situ) donosi u pravilu 0-10 nagradnih bodova, a za izuzetno aktivne studente i više.		
Popis osnovne literature i Internet web referenci:	<ol style="list-style-type: none"> 1. Structural Bioinformatics of Membrane Proteins, D. Frishman, Springer-Verlag/Wien, 2010. 2. Structural Bioinformatics, P.E.Bourne, H.Weissig John Wiley & Sons.Inc., 2003. 3. D. J. Livingstone: "Data Analysis for Chemists – Application to QSAR and Chemical Product Design" Oxford University Press, UK, 1995. 		
Način praćenja kvalitete i uspješnosti izvedbe predmeta:	Anonimna anketa među studentima o uspješnosti nastave.		