

UNIVERZITET „DŽEMAL BIJEĐIĆ“ U MOSTARU
FAKULTET INFORMACIJSKIH TEHNOLOGIJA

Naziv predmeta:	Analiza bioloških slijedova		Šifra predmeta: 0000
Nivo ciklusa, godina studija, semestar	akademski dodiplomski studij I ciklusa akademski diplomski studij II ciklusa		godina: IV ili V / semestar: 7 ili 9
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>		
Objasnenje bodovne vrijednosti:	Broj ECTS bodova odgovara broju sati potrebnom za realizaciju nastavnih obaveza i pripremu ispita.		
Cilj predmeta:	Upoznavanje studenata sa osnovnim metodama analiza sekvenci. Proučavanje tipova podataka za sekvence i njihove pretvorbe. Proučavanje bioloških baza podataka za dobivanje i obradu sekvenci. Učenje rada sa osnovnim algoritmima poravnavanja sekvenci. Korištenje algoritama za izračun sličnosti i identičnosti sekvenci kao i proučavanje korištenih matrica.		
Opis općih i specifičnih kompetencija (znanja i vještina) /ishod učenja:	Student će poznavati područje analize biološke sekvence, znati i razumjeti glavne algoritme i metode korištene u parnom i višestrukom poravnanju, pretraživati baza podataka o sekvencama, razumjeti biološki kontekst u kojem se primjenjuje analiza biološke sekvence. Student će imati vještine i biti sposoban izvesti jednostavne vjerojatnosne metode i algoritme za analizu biološke sekvence, objasniti algoritme i metode obuhvaćene predmetom, interpretirati rezultate standardnih metoda korištenih u analizi bioloških sekvenci, odabrati odgovarajuće metode i alate analize sekvence za određeni biološki problem. moći doprinijeti interdisciplinarnim projektima koji uključuju analizu biološke sekvence, moći će čitati, razumjeti i raspravljati o znanstvenoj literaturi u analizi bioloških sekvenci		
Okvirni sadržaj predmeta:	Biološke baze podataka za sekvence. Tipovi podataka za sekvence i njihove pretvorbe. Web alati za analizu sekvenci i njihovo poravnanje. Optimalno poravnanje sekvenci, algoritmi za izračun udaljenosti, optimizacija, matrice sličnosti, praznine i procjepi. Metode za višestruko poravnanje sekvenci.		
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:	1. Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis, M.Borodovsky and S. Eshchenko, Cambridge University Press, 2006. 2. Nastavni materijali.		
Način praćenja kvalitete i uspješnosti izvedbe predmeta:	Anonimna anketa među studentima o uspješnosti nastave.		