

UNIVERZITET „DŽEMAL BIJEDIĆ“ U MOSTARU FAKULTET INFORMACIJSKIH TEHNOLOGIJA			
Naziv predmeta:	Uvod u bioinformatiku		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>		
Obrazloženje bodovne vrijednosti:	Broj ECTS bodova odgovara broju sati potrebnom za realizaciju nastavnih obaveza i pripremu ispita.		
Cilj predmeta:	Cilj predmeta je upoznati studente s osnovnim dostupnim alatima koje bioinformatika nudi za potrebe analiziranja sekvence, struktura proteina i nukleinskih kiselina kako bi do kraja kolegija studenti bili samostalni u izvođenju analiza. Upoznati bioinformatiku kao granu znanosti koja usko povezuje informatiku s područjima matematike, biologije i biofizike, a koja se ubrzano razvijala u posljednja dva desetljeća.		
Opis općih i specifičnih kompetencija (znanja i vještina) /ishod učenja:	Studenti će moći nakon položenog kolegija: Objasniti neke od otvorenih problema i izazova u modernoj bioinformatici; Ocijeniti mogućnost primjene pojedinih bioinformatičkih algoritama; Koristiti algoritme koji rješavaju probleme u sastavljanju sekvenci; Usporediti i evaluirati metode za poravnanje sekvenci; Koristiti algoritme za izradu filogenetskih stabala; Analizirati podatke iz bioloških baza; Koristiti osnovne alate za uspoređivanje sekvenci nukleinskih kiselina; Koristiti osnovne alate za uspoređivanje sekvenci proteina; Koristiti osnovne alate za predviđanje strukture proteina; Odabrati alate prema potrebama analize i interpretirati rezultate dobivene korištenjem bioinformatičkih alata.		
Okvirni sadržaj predmeta:	Upoznavanje s bazama podataka: literaturne baze podataka (NCBI), baze podataka genskih i proteinskih sekvenci (NCBI, SWISSPROT, UNIPROT, CATH, SCOP), proteinskih struktura (PDB), funkcionalnih domena proteina (PFAM) te cjelovitih genoma (ENSEMBL). Poravnanje sekvenci nukleinskih kiselina i proteina, alati za poravnanje sekvenci: TCOFFEE, MCOFFEE, Clustal. Predviđanje sekundarne i tercijarne strukture proteina: modeliranje po homologiji te alati koji se koriste za navedena predviđanja (PSI-PRED, Modeller, Phyre, Threader). Programi za vizualizaciju strukture proteina – uvod u molekularnu dinamiku proteina. Predviđanje sekundarne i tercijarne strukture nukleinskih kiselina. Osnovni pojmovi u računalnoj filogenetskoj analizi.		
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"> <li>1. A. Lesk, Introduction to Bioinformatics, 2nd ed., Oxford University Press Inc., New York, 2005.</li> <li>2. N.C. Jones, P. J. Pevzner, An Introduction to Bioinformatics Algorithms, MIT Press, 2004.</li> <li>3. R. C. Deonier, S. Tavaré, M. S. Waterman, Computational Genome Analysis: An Introduction, Springer, 2010.</li> </ol>		
Način praćenja kvalitete i uspješnosti izvedbe predmeta:	Anonimna anketa među studentima o uspješnosti nastave.		