

Studijski program	Vrsta studija (ciklus)		II ciklus				
	Naziv studijskog programa		Teorijska kompjuterska nauka				
PREDMET							
Naziv predmeta	Genetički algoritmi i bioinformatika						
Šifra predmeta	Semestar	Status predmeta	ECTS	Kontakt sati (P+AV+LV)			
CS 545	III	Izborni	7	3+0+2			
Nosilac programa							
Cilj predmeta	Cilj predmeta je da unaprijedi razumijevanje živih sistema kroz računarske algoritme. Složenost ovih sistema nudi izazove u softveru i algoritmima, a često zahtijeva i potpuno nove pristupe u računarskim naukama. Kroz ovaj predmet studenti će biti osposobljeni da koriste WEB-biološke baze podataka, upotrebu namjenskih softverskih paketa i formata za pretraživanje, analizu, modeliranje i simuliranje u oblasti proteomike i genomike.						
Ishod učenja	Osposobljeni studenati bit će u stanju da koriste WEB-biološke baze podataka, upotrebu namjenskih softverskih paketa i formata za pretraživanje, analizu, modeliranje i simuliranje u oblasti proteomike i genomike.						
Sadržaj predmeta							
<ul style="list-style-type: none"> - Uvodno razmatranje. Bioinformacija: Definicija, zadaci i cilj bioinformatike. - Uvod u osnove molekularne biologije: bazna arhitektura ćelija, struktura DNA, geni i proteini, genom, proteom, transkriptom, centralna dogma. Crick-Watson model. - Klasične metode i algoritmi u bioinformatici: probabilistički pristup, Bayes-ova teorema, HMM model, metoda najbližeg susjeda, metoda klasteringa, metoda drveća identifikacije. - Bioinspirirane metode i algoritmi u bioinformatici: neuronske mreže, evolucioni algoritmi, genetički algoritmi, multi-ciljni genetički algoritmi. - Analiza DNA sekvenci: uparivanje sekvenci, uparivanje višestrukih sekvenci, vizuelizacija uparivanja sekvenci, biološki kodovi, manipuliranje sekvencama, statistike iz sekvenci. - DNA microarray analiza: microarray normalizacija, microarray vizuelizacija. - Analiza i predikcija proteinskih struktura: deterministički uzorci, stohastički uzorci, predikcija sekundarne strukture na bazi neuronskih mreža, izuelizacija proteinskih struktura. - Softverski resursi: baze podataka, data mining, računarske asocijacije sa biološkim procesima. - Softverski alati: Perl, Blasta, FASTA, PDBFIND baze podataka, MATLAB Bioinformatic Toolbox. 							
LITERATURA							
<p>[1] Pierre Baldi, Soren Brunak: Bioinformatics - The Machine Learning Approach, 2nd edition, (2001), MIT Press.</p> <p>[2] Bryan Bergeron: Bioinformatics Computing, (2002), Prentice Hall PTR.</p> <p>[3] Andrzej Polanski, Marek Kimmel: Bioinformatics, (2007), Springer-Verlag Berlin.</p> <p>[4] Michael S. Waterman: Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences and Genomes, 1st edition, (1995), Chapman&Hall/CRC.</p> <p>[5] Cynthia Gibas, Per Jambeck: Developing Bioinformatics Computer Skills, (2001), O'Reilly.</p>							
OPTEREĆENJE STUDENTA (sati u semestru)							
Predavanje	45	Vježbe	30	Samostalan rad	100	Ukupno	175
PROVJERA ZNANJA I OCJENJIVANJA				NAPOMENA			
Kriterij	Maksimalan broj bodova	Bodovi za prolaz					
Testovi tokom kursa	20	10					
Zadace	10	5					
Projekti	40	20					
Seminarski rad	10	5					
Završni ispit	20	15					
Ukupno	100	55					