

UNIVERZITETNI ŠTUDIJSKI ŠTUDIJSKI PROGRAM 1. STOPNJE

BIOINFORMATIKA (BF-19)

OPISI PREDMETOV

OBVEZNI PREDMETI ŠTUDIJSKEGA PROGRAMA

OBVEZNI PREDMETI 1. LETNIKA

Ime predmeta: **ALGEBRA II – LINEARNA ALGEBRA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Grupe, kolobarji, obsegi. Kolobar polinomov.
- Vektorski prostor. Podprostorji, linearni operatorji. Linearna neodvisnost. Baza in dimenzija vektorskega prostora.
- Lastne vrednosti. Karakteristični in minimalni polinom.
- Skalarni produkt. Ortogonalni sistemi. Gramm-Schmidtov postopek ortogonalizacije. Norma. Norma matrike in operatorja. Normalni in sorodni operatorji.
- Konveksnost v vektorskem prostoru.
- Normirani vektorski prostori kot metrični prostori. Izometrije v R^2 in R^3 .

Ime predmeta: **ALGEBRA I – MATRIČNI RAČUN**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Vektorji, analitična geometrija v prostoru.
- Matrike. Vrste matrik in osnovne operacije z matrikami. Rang matrike. Inverzna matrika.
- Sistemi linearnih enačb. Matrična interpretacija in izrek o rešljivosti. Elementarne matrike, Gaussova metoda. Determinante. Cramerjevo pravilo.

Ime predmeta: **ANALIZA I – TEMELJI ANALIZE**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Naravna števila. Racionalna števila. Realna števila. Kompleksna števila.
- Zaporedja realnih števil. Limite in stekališča zaporedij. Cauchyjev pogoj. Zgornja in spodnja limita. Monotona zaporedja. Izrek Bolzano-Weierstrass.
- Vrste. Konvergenčni kriteriji. Absolutno in pogojno konvergentne vrste.
- Funkcije realne spremenljivke, sodost, lihost, periodičnost. Limite funkcij, leva in desna limita. Zveznost. Zvezne funkcije na zaprtih omejenih intervalih. Metoda bisekcije za iskanje ničel.
- Elementarne funkcije. Ciklotometrične funkcije.

Ime predmeta: **ANALIZA II – INFINITEZIMALNI RAČUN**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Odvod. Izreki o srednjih vrednostih. Odvodi monotonih funkcij. L'Hopitalovo pravilo. Višji odvodi. Taylorjeva formula. Lokalni ekstremi. Konveksne in konkavne funkcije. Prevoji. Tangentna metoda iskanja ničel.
- Nedoločeni integral. Določeni integral. Darbouxove in Riemannove vsote. Leibniz-Newtonova formula. Izreki o srednji vrednosti. Integracijske metode. Uporaba določenega integrala v geometriji. Posplošeni integral. Numerična integracija.
- Logaritem, število e in definicija potence pri realnem eksponentu.
- Risanje ravninskih krivulj.
- Funkcijska zaporedja in funkcijske vrste. Potenčne vrste. Taylorjeva vrsta. Elementarne kompleksne funkcije.

Ime predmeta: **GENETIKA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Osnove transmissijske genetike: zakoni dedovanja, pedigre analiza dedovanja dominantnih in recesivnih genov, molekularna osnova dominantnih in recesivnih mutacij.
- Avtosomno in spolno vezano dedovanje.
- Citoplazmatsko dedovanje.
- Osnovne laboratorijske metode v genetiki:
- restrikcijski encimi, ločevanje fragmentov DNA, vektorji za kloniranje DNA, tehnike rekombinantne DNA, določanje nukleotidnega zaporedja DNA, metode, razumevanje in pomen genomskih projektov
- Analiza delovanja genov, reverzna genetika, metode proučevanja izraženih zaporedij
- Morfologija in strukturni elementi evkariontskega kromosoma: telomera, centromera, vloga, replikacijski model telomere, organizacija DNA na kromosomu, zgradba kromatina, evkromatin, heterokromatin
- Nastanek genomov
- Organiziranost evkariontskega genoma
- Geni in organizacija genov
- Organelni genomi, nastanek in lastnosti
- Pot od zapisa DNA do proteina
- Sinteza in procesiranje molekul RNA
- Izražanje genov
- Spremembe dednega materiala; mutacije na kromosomu, genu, genomu. Povzročitelji mutacij, vpliv na organizem in pomen v evoluciji.
- Popravljalni mehanizmi
- Rekombinacije
- Mobilni genetski elementi in njihova vloga
- Forenzična genetika, aplikacije
- Aplikacija genomike

Ime predmeta: **ORGANSKA KEMIJA IN BIOKEMIJA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Organska kemija:
Pomembnost in vloga organske kemije
Strukturne značilnosti organskih spojin
Nukleofilne substitucije
Radikalne reakcije

Oksidacije
Redukcije
Ogljikovi hidrati
Amino kisline, peptidi in beljakovine
Izolacija organskih spojin

Biokemija:
Osnove biokemije
Struktura in funkcija biomolekul in kataliza:
aminokisline, proteini, encimi, ogljikovi hidrati, struktura DNK, maščobe
Bioenergetika in metabolizem (katabolizem in anabolizem): glikoliza, krebsov cikel, glioksilatni cikel, fosfoglukonatna pot, oksidativna fosforilacija, beta-oksidacija, urea-cikel, glukoneogeneza, biosinteza maščobnih kislin, biosinteza aminokislin
Povezovanje, usklajevanje ter posebnosti metabolizma organov

Ime predmeta: **PODATKOVNO RUDARJENJE**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

1. Uvod v pod. programiranje.
Programski jeziki za delo s podatki, osnovne podatkovne strukture in operacije, aplikacije.
2. Osnove Python.
Okolje tolmača VS code, sintaksa, števila, nizi, sezname, datoteke, kontrola izvajanja, kontrola zank, funkcije, lambda izrazi, funkcije višjega reda, funkcijsko programiranje.
3. Podatkovne strukture v Python.
Sezname, n-terice, sekvence, množice, slovarji, zanke nad podatkovnimi strukturami.
4. Moduli in razredi v Python.
Sintaksa modulov, okolje modulov, standardni moduli, sintaksa razredov, razred kot objekt, instance, metode, dedovanje, iteratorji, generatorji.
5. Numerični python (numpy).
N-dimenzionalna polja, indeksiranje in izrezi polj, operacije, podatkovno procesiranje, čiščenje, transformacije, agregacija, grupiranje, časovne vrste, strukturirana polja.
6. Osnove R.
Zgodovina R, osnovne karakteristike R okolja, uporabnost R, grafični uporabniški vmesniki za R, R studio – predstavitev in delovanje, osnovna sintaksa v praksi, delo z ukazno vrstico in spoznavanje osnovnih ukazov, števila, vektorji, kontrolne strukture, funkcije, definicijska območja, R objekti, atributi, matrike, sezname, faktorji, podatkovni okvirji.
7. Branje in pisanje podatkov v R.
Branje objektov, vektorjev in matrik, branje podatkovnih okvirjev, branje iz datotek, generiranje podatkov, pisanje R objektov.
8. Upravljanje podatkov v R.
Podatkovne baze, statistični modeli v R, grafični prikazi. Praktični primer uporabe statističnih modelov in grafičnega prikaza.
9. Zmožnost reproduciranja raziskav z Rmarkdown ter objavljanje reportov v Rpubs in izdelava predstavitev.
10. Primer manjše aplikacije v R s pomočjo Shiny

Ime predmeta: **PROGRAMIRANJE I**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Osnovni programski gradniki.
 - o Osnovna sintaksa programskega jezika Java: Spremenljivke, tipi in stavki. Enostavne vhodno izhodne operacije. Odločitveni stavki. Kontrolne strukture. Funkcije in podajanje parametrov. Programi. Strukturna dekompozicija.
- Osnovne podatkovne strukture:

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

- Enostavni tipi. Polja. Zapisi. Nizi in obdelava nizov. Predstavitev podatkov v Računalniškem spominu. Alokacija spomina. Povezane strukture. Sklad. Vrsta. Seznam. Drevo.
- Algoritmi in reševanje problemov:
- Kaj je algoritem? Strategije reševanja problemov. Vloga algoritmov v procesu reševanja Problemov. Strategije za implementacijo algoritmov. Iskanje programskih napak. Rekurzija. Koncept rekurzije. Rekurzivne matematične funkcije. Deli in vladaj. Rekurzivno vračanje po sledi. Implementacija rekurzije.
- Pregled programskih jezikov:
 - Vrste programskih jezikov.
 - Kontrola izvajanja. Funkcije. Podprogrami. Prostori imen.
- Deklaracije in tipi:
 - Vrste tipov. Deklaracija tipov. Varnost tipov. Preverjanje tipov. Podtipi. Razredi. Večobličnost.
- Mehanizmi abstrakcije:
 - Podatkovne abstrakcije. Enostavni tipi. Sestavljeni tipi. Postopkovne abstrakcije. Podprogrami in funkcije. Abstraktni podatkovni tipi. Objekti in razredi. Vzorci. Moduli.

Ime predmeta: **RAČUNALNIŠKI PRAKTIKUM**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Fakultetno računalniško omrežje in splošna pravila uporabe: Opis fakultetnega računalniškega omrežja, načinov prijave, postopek menjave gesla, načina dostopa do e-pošte ter dopisnih seznamov, dostop do snovi v elektronski obliki.

Osnove dela v operacijskem sistemu Linux: Opis operacijskega sistema Linux ter njegovih različic, opis dela v ukazni lupini BASH.

Programski jezik C: Opis sintakse programskega jezika C ter njegove uporabe za reševanje preprostih problemov.

Ime predmeta: **TEORETIČNE OSNOVE RAČUNALNIŠTVA I**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Osnove matematične teorije, izjavni račun, pravilnostne tabele, predikatni račun.
- Formalni jeziki.
- Osnovni pojmi matematične logike.
- Načini zapisovanja množic. Osnovne relacije med množicami, osnovne operacije z množicami ali družinami množic. Potenčna množica. Relacije. Grafi. Ekvivalenčne relacije. Delna in linearna urejenost. Mreže in Boolova algebra. Dobra ureditev. Funkcije. Posebni tipi funkcij. Kategorije.
- Končne in neskončne, števne in neštevne množice.
- Kardinalna in ordinalna števila. Peanova aritmetika, matematična indukcija.
- Sistema aksiomov teorije množic NBG in ZFC. Aksiom izbire. Zornova lema.
- Osnove simbolnega računanja (Mathematica).

OBVEZNI PREDMETI 2. LETNIKA

Ime predmeta: **ALGORITMI V BIOINFORMATIKI**

Število ECTS kreditnih točk: **3**

Vsebina:

- Uvod v algoritme analize bioloških zaporedij: temelječi na iskanju vzorca, na premikajočem oknu, na matrikah, na klasičnih statističnih metodah, na grafičnih predstavitvah.
- Ponovitev pojmov teorija avtomatov, jezikov in izračunljivosti.

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

- Iskanje v bioloških zaporedjih s končnimi avtomati in regularnimi izrazi.
- Podatkovne strukture za predstavitev in iskanje v bioloških zaporedjih (priponska drevesa in polja).
- Poravnave parov zaporedij - definicije problemov in metode: točkovna matrika, dinamično programiranje (globalna in lokalna poravnava, poravnava z vrzelmi), hevristični pristopi (FASTA, BLAST).
- Gručenje: hierarhične in nehierarhične metode.
- Poravnave več zaporedij - hevristični pristopi: posplošitev dinamičnega programiranja, 2-aproksimacijski algoritem, progresivne metode (Feng-Doolittle, Clustal), skriti model Markova (Viterbi).
- Rekonstrukcija filogenetskih dreves iz matrike razdalj med vrstami (gručenje, aditivna filogenija) in iz poravnave zaporedij (mali in veliki problem varčnosti, algoritem Sankoff-a).
- Rekonstrukcija zaporedij: pristop iskanja Hamiltonske in Eulerjeve poti.

Ime predmeta: **ANALIZA III – FUNKCIJE VEČ SPREMENLJIVK**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Metrični prostori. Neenačba Cauchy-Schwarz-Bunjakovski. Odprte in zaprte množice. Kompaktnost in povezanost. Zaporedja v metričnih prostorih. Cauchyjeva zaporedja in polni prostori. Zveznost in enakomerna zveznost. Lastnosti zveznih preslikav.
- Funkcije več realnih spremenljivk. Zveznost, parcialna odvedljivost. Diferencial preslikave iz R^n v R^m . Jacobijeva matrika. Verižno pravilo.
- Višji parcialni odvodi. Taylorjeva formula. Izrek o inverzni in implicitni funkciji. Prosti in vezani ekstremini.
- Dvojni in mnogoterni integrali. Lastnosti. Pogoji za eksistenco. Uvedba novih spremenljivk. Računanje in uporaba.
- Pravi in posplošeni integrali s parametrom, funkciji Gama in Beta. Stirlingova formula.

Ime predmeta: **ANALIZA NUKLEOTIDNIH ZAPOREDIJ**

Število ECTS kreditnih točk: **3**

Vsebina:

- Aplikacije uporabe sekvenciranja s tehnologijami naslednje generacije (NGS)
- Pregled tehnologij NGS sekvenatorjev, laboratorijska priprava vzorca za sekvenciranje
- Podatkovne zbirke zaporedij iz visokozmogljivih sistemov (SRA, Bioproject, TSA, WGS, ENA...)
- Formati datotek (FASTQ, SAM/BAM, VCF)
- Osnovi pristopi pri sekvenciranju genomov (sekvenciranje celotnih genomov, sekvenciranje eksonov, tarčno sekvenciranje)
- Postopek obdelave zaporedij, pridobljenih z NGS tehnologijo (kontrola kakovosti NGS zaporedij, združevanje zaporedij, naleganje, predikcija genov in anotacija)
- Orodja za združevanje kratkih zaporedij na novo in naleganje kratkih zaporedij na referenčno zaporedje (BWA, Bowtie2, TopHat,...)
- Orodja za anotacijo (RepeatMasker, Splign, Genescan,...)
- Vizualizacija NGS podatkov (Tablet, Genome workbench)
- Primeri drugih pristopov obdelave podatkov kot npr. iskanje ponavljajočih se zaporedij, različic, razvoj molekularskih markerjev (SSR, SNP), analiza mikro RNA, genotipizacija s sekvenciranjem (GBS)

Ime predmeta: **OSNOVE PODATKOVNIH BAZ**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Uvod
- Model Entiteta-Razmerje
- Relacijski model
- Relacijska algebra in račun
- SQL in QBE
- Diski in datoteke
- Indeksi
- Evaluacija relacijskih operacij
- Optimizacija poizvedb
- Transakcije
- Kontrola vzporednosti in obnovitev po zrušitvi
- Načrtovanje podatkovnih baz

Ime predmeta: **OSNOVE STROJNEGA UČENJA IN PODATKOVNEGA RUDARJENJA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Tehnike strojnega učenja:

- Opis osnovnih in naprednejših metod strojnega učenja kot so: učenje odločitvenih dreves, odločitvenih pravil, regresija, metoda podpornih vektorjev, asociacijska pravila, ...
- Uporaba teh tehnik na konkretnih problemih za gradnjo napovednih in opisnih modelov.
- Metode evalvacije zgrajenih modelov.

Podatkovno rudarjenje:

- Uporaba tehnik in prijemov strojnega učenja za podatkovno rudarjenje.
- Opis CRISP metodologije podatkovnega rudarjenja: zbiranje podatkov, predobdelava podatkov, izbor ustrezne tehnike strojnega učenja za učenje iz podatkov, evalvacija naučenega modela, priprava rezultatov za prikaz.
- Uporaba obstoječih prosto dostopnih sistemov za podatkovno rudarjenje kot so: WEKA, Orange, A-Priori, ...

Ime predmeta: **PODATKOVNE STRUKTURE IN ALGORITMI**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Osnovno matematično orodje

- ocenjevalne funkcije O , \square , \square in razlike med njimi
- kaj je zahtevnost problema in kaj rešitev
- verjetnost in naključnost
- računski modeli: kazalčni stroj, RAM, vzporedni računalnik

Osnovne podatkovne strukture

- implicitne podatkovne strukture: polje, sklad, vrsta, kopica
- eksplicitne podatkovne strukture: povezan seznam, drevo
- problemi pri vzporednosti

Osnovni abstraktni tipi in njihova izvedba

- slovar: razpršene tabele; AVL, rdeče-črna, B – drevesa
- vrsta s prednostjo: kopice, VEB
- rang in izbira

Urejanje in sorodniki:

- z izbiranjem, z zlivanjem, hitro urejanje
- urejanje v linearnem času
- urejanje na vzporednih strojih
- iskanje srednjega in k-tega elementa

Osnovne algoritmične tehnike

- požrešni algoritmi
- deli in vladaj
- dinamično programiranje

Algoritmi na grafih in omrežjih

- iskanje v širino in v globino
- povezanost
- najmanjša vpeta drevesa
- najkrajše poti v grafih
- pretoki v omrežjih
- vzporedni algoritmi v omrežjih s pogledom na medmrežje

Izbrani algoritmi

- matematični algoritmi s pogledom na kriptografijo: množenje matrik, reševanje sistema enačb, FFT, iskanje največjega skupnega delitelja, modularna aritmetika, eksponenti
- algoritmi na nizih s pogledom na bioinformatiko: iskanje podniza
- pri vseh problemih si bomo pogledali tudi nekaj osnovnih vzporednih rešitev

Ime predmeta: **PROGRAMIRANJE II – KONCEPTI PROGRAMSKIH JEZIKOV**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Uvod
- Lambda račun
- Sintaksa
- Osnovne strukture
- Funkcijski jeziki
- Imperativni jeziki
- Tipi
- Moduli
- Objekti in razredi

Ime predmeta: **STATISTIKA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Uvod. Kaj je statistika? Uporabnost statističnih metod v naravoslovju. Populacija. Vzorec.
- Slučajne spremenljivke. Pojem slučajne spremenljivke. Zvezne in diskretne slučajne spremenljivke. Osnovni primeri slučajnih spremenljivk. Funkcija verjetnosti, funkcija gostote, porazdelitvena funkcija.
- Opisne statistike. Frekvenčna porazdelitev. Mere sredine. Kvantili. Mere variabilnosti.
- Vzorčenje. Uvodni primeri. Naključno vzorčenje. Vzorčna porazdelitev. Standardna napaka ocene. Intervali zaupanja.
- Grafične predstavitve podatkov. Histogram. Razsevni grafikoni. Škatla z brki. QQ-diagram.
- Preizkušanje statističnih domnev. Princip preizkušanja. Ničelna domneva, alternativna domneva. Napake pri preizkušanju domnev. Primeri: t-preizkus za povprečje v enem vzorcu, t-preizkus za povprečji za dva neodvisna/odvisna vzorca, ANOVA.
- Preučevanje odvisnosti med pojavi. Regresija. Linearna regresija. Mere linearne odvisnosti. Korelacijski koeficient. Nelinearne odvisnosti. Asociacija in kontingenčne tabele.

Ime predmeta: **TEMELJI FIZIKE Z BIOFIZIKO**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Predmet uvaja osnovne fizikalne koncepte, ki so temelj razumevanja procesov v živih bitjih. Pomembnost teh konceptov je dodatno utemeljena in utrjena z razlagami konkretnih primerov.

Poglavitne splošne teme fizikalnih osnov:

- Intenzivne in aditivne fizikalne količine ter operacijski postopki merjenja teh količin (poleg osnovnih še koncepti gostote, tlaka, koncentracije, temperature, potenciala, prevodnosti, optičnih lastnosti,...).
- Oblike energij (kinetična, potencialna, prožnostna, notranja, kemična, električna,...) in načini povečevanja, zmanjševanja in spreminjanja energij (delo, toplota).
- Snovni, električni in toplotni tokovi ter ohranitveni zakoni.
- Nihanje in valovanja (mehansko in elektromagnetno) ter pojavi povezani z valovanjem (odboj, lom, interferenca).

Podrobnejše teme biofizikalnih aplikacij:

- Biomehanika (vzvodi v človeškem telesu, biomehanika človeških okončin, torzijske deformacije, stabilnost telesa).
- Tlačne in koncentracijske razlike kot vzrok za snovne tokove (tokovi v rastlinah, ožilje in srce, izmenjava plinov, osmotski procesi).
- Temperaturne razlike kot vzrok za toplotne tokove (osnove procesov pri bitjih z nestalno in stalno telesno temperaturo, viri energije in energijske pretvorbe).
- Potencialne razlike kot vzrok za električne tokove (Celica, kot akumulator elektrokemične energije: prehajanje snovi skozi celično membrano, akcijski potencial, električna polja v celici, pasivne in aktivne električne lastnosti celičnih membran).
- Glasilke kot oddajnik zvoka ter biofizikalna slika ušesa kot sprejemnika zvoka.
- Optični instrumenti (fotoaparati, projektorji in mikroskopi ter oko kot sprejemnik svetlobe).
- Osnove molekulske biofizike (Lastnosti osnovnih sestavnih delov bioloških sistemov in zveze med temi lastnostmi).

Ime predmeta: **UVOD V BIOINFORMATIKO**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

BIOLOŠKE PODATKOVNE ZBIRKE

- Biološke podatkovne zbirke s podatki na nivoju DNA, RNA, proteinov, bioloških procesov,... (GenBank, EMBL-Bank, DDBJ, RefSeq, dbEST, Uniprot, KEGG, Reactome, itd.)
- Formati zapisov nukleotidnih / proteinskih zaporedij (GENBANK, EMBL, GCG, FASTA,...), pretvorba med oblikami zapisov
- Dostop do podatkov (Entrez, EDirect, SRS, dbfetch,...) in brskalniki genomov (UCSC, Ensembl, NCBI GDV)

METODE ANALIZE NUKLEOTIDNIH/ AMINOKISLINSKIH ZAPOREDIJ

- Poravnava z različnimi ocenjevalnimi matrikami (PAM, BLOSUM)
- Lokalna poravnava (BLAST), globalna poravnava,
- Parna poravnava s točkovnimi grafi (*dotplots*)
- Metode poravnave za identifikacijo daljno sorodnih proteinov (PSI-BLAST, DELTA-BLAST, HMMER)
- Multipla poravnava zaporedij (MUSCLE, MAFFT, T-COFFEE, ClustaW, ProbCons)
- Uporaba orodij za iskanje po zbirkah (npr. NCBI BLAST, SIM), uporaba različnih metod poravnave in interpretacija rezultatov

ANALIZA STRUKTURE KROMOSOMOV

- Orodja za identifikacijo regij s psevdogeni, ponavljajočimi se zaporedji, transpozoni. itd.
- Programska orodja za predikcijo genov, intronov, eksonov, promotorskih regij, itd.

DNA SEKVENCIRANJE

- Sekvenciranje s Sangerjevo metodo
- Analiza elektroferograma
- Parametri kakovosti baze – Phred vrednost, KB basecaller Q vrednost
- Težave pri določanju sekvence z elektroferogramov (premik bralnega okvirja, »dye blobs«, prekrivajoči signali, itd.)

OBVEZNI PREDMETI 3. LETNIKA

Ime predmeta: **BIOTEHNOLOGIJA**

Število ECTS kreditnih točk: **3**

Vsebina:

- Zgodovina razvoja biotehnologije
- Tehnologija rekombinantne DNA
- Lastnosti ekspresijskih vektorjev in vektorjev za kloniranje
- Tehnologija interferenčne RNA
- Metode urejanja genomov (mestno specifične endonukleaze CRISPR-Cas, TALEN, ZFN, Meganukleaze, usmerjena mutageneza z mutagenimi oligonukleotidi s procesom homologne rekombinacije)
- Orodja za izdelavo konstruktov glede na izbrano metodo mutageneze
- Metode posrednega / neposrednega vnosa DNA / ribonukleoproteinskega kompleksa v rastlinsko ali živalsko celico
- Metode za preverjanje vključenosti konstrukta oziroma uspešnosti mutageneze
- Postopki pridobivanja transgenih rastlin
- Postopki pridobivanja transgenih živali
- Genska terapija
- Praktični primeri uporabe metod biotehnologije iz znanstvene literature
- Pomen in dosežki biotehnologije na različnih področjih uporabe
- Zakonodaja na področju biotehnologije

Ime predmeta: **EVOLUCIJSKA BIOLOGIJA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Zgodovina razvoja evolucijske misli pred Darwin-Wallacevo teorijo in po njej; Definicija življenja; Spontana variabilnost (mutacije – molekularna variabilnost in njen pomen za evolucijo); Naravna selekcija; Evolucija in biogeografija; Evolucija in speciacija; Koncept biološke vrste; Evolucija v času (z osnovami paleontologije); Izvor in evolucija človeka; Izvor življenja; Kreacionizem in evolucionizem.

Ime predmeta: **EVOLUCIJSKA IN POPULACIJSKA GENETIKA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Pojem molekularne evolucije
- Nevtralna teorija
- Evolucijske spremembe nukleotidnih zaporedij (modeli, genetske razdalje)
- Molekularna ura
- Molekularna filogenetika

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

- Uvod v populacijsko genetiko
- Genetska in fenotipska raznolikost (vzdrževanje genetske raznovrstnosti, frekvence alelov, frekvence genotipov, heterozigotnost)
- Molekularne metode in vzorčenje v populacijski genetiki
- Molekularni markerji: jedrni, kloroplastni, mitohondrijski
- Predstavitev markerjev in uporaba v populacijskih študijah: RFLP, SNP, AFLP, RAPD, SSR, ISSR, DaT, RAMP, SRAP
- Evolucijski dejavniki in njihovi vplivi na genetsko strukturo populacij: naravna selekcija, parjenje, delitev populacij, migracije (naključno parjenje, parjenje v sorodstvu, inbreeding depresija, inbreeding koeficient, heterozigotnost v populacijah, Wright's F statistika, modeli migracije)
- Parametri genske diverzitete
- Hardy-Weinbergovo ravnotežje
- Analiza vezanega neravnotežja (Linkage Disequilibrium), vzroki za neravnotežje
- Naključni genetski tok (genetski drift), Wright-Fisherjev model, inbriding
- Ireverzibilne in reverzibilne mutacije, vpliv na naključni genetski tok, verjetnost fiksacije novih nevtralnih mutacij
- Genetska struktura populacij (raznolikost, razporeditev raznolikosti med populacijami, genetske razdalje), velikost populacije, pretok genov, razmnoževanje, naravna selekcija
- Molekularna populacijska genetika (divergenca zaporedij, zamenjave aminokislin, nukleotidne substitucije, molekularna ura, vzorci nukleotidnih in aminokislinskih substitucij), polimorfizem znotraj vrst, polimorfizem in divergenca nekodirajočih zaporedij, vpliv lokalne stopnje rekombinacije
- Filogenetska drevesa
- Uporaba populacijske genetike pri varovanju vrst
- Uporaba populacijske genetike v kmetijski znanosti
- Uporaba statističnih metod v populacijski genetiki

Ime predmeta: **FIZIKALNA KEMIJA S KEMOINFORMATIKO**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

- Plini in sile med molekulami: idealni plin, kinetična teorija plinov, interakcije med molekulami, van der Waalsov plin
- Energija: prvi zakon termodinamike, spremembe notranje energije in entalpije v fizikalno-kemijskih procesih, termokemija
- Entropija: drugi zakon termodinamike, entropija plinov in plinastih mešanic, entropijske spremembe v fizikalno-kemijskih procesih, tretji zakon termodinamike
- Biomolekularne simulacije: topologija biomakromolekul, proteinska banka podatkov, parametri polja sil, solvatacija in ionska atmosfera, energijska minimizacija in molekulska dinamika
- Strukturna analiza trajektorij: parska porazdelitvena funkcija za ione, koren povprečnega kvadrata deviacije strukture, koren povprečnega kvadrata fluktuacij strukture, radij sukanja, razdalja glava-rep, analiza vodikovih vezi, grupiranje konformacij
- Energijska analiza s prosto energijo: van der Waalsove in elektrostatske interakcije, razčlemba energije
- Vizualizacija simulacijskih trajektorij in biomolekularna računalniška grafika

Ime predmeta: **FUNKCIJSKA GENOMIKA**

Število ECTS kreditnih točk: **3**

Vsebina:

V okviru predmeta bomo spoznali bioinformacijske metode in pristope za analizo podatkov s področja funkcijske genomike ter njihovo uporabo na področju molekularne biologije in medicine.

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

Sodobne molekularno-biološke tehnike nam omogočajo izvedbo meritev velikega števila genov oz. proteinov hkrati. Predstavili bomo pristope, ki so prilagojeni za analizo visoko-gostotnih omskih podatkov. Poudarek bo na analizi izražanja genov s tehnologijama DNA-mikromrež in naslednje generacije sekvenciranja (NGS).

Spoznali se bomo s statističnimi pristopi in z metodami nenadzorovanega in nadzorovanega strojnega učenja, ki so prilagojeni za analizo, integracijo, vizualizacijo in interpretacijo omskih podatkov ter metodami odkrivanja zakonitosti v omskih podatkih.

Predmet bomo v okviru seminarja sklenili z uporabo predstavljenih pristopov na transkriptomskih podatkih raziskovalnih študij bioloških mehanizmov različnih obolenj in patologij kot so npr. metabolni sindrom, hepatocelularni karcinom, pljučna fibroza, itd. Seminar bo osnovan na aktualnih znanstvenih prispevkih, pri katerih so podatki analize transkriptoma javno dostopni v podatkovnih bazah Gene Expression Omnibus (NCBI) ali ArrayExpress (EMBL-EBI). Študenti bodo tudi imeli možnost seminar nadgraditi v zaključno nalogo.

Specifične teme, metode in pristopi, ki bodo predstavljeni:

- Pregled visoko-gostotnih omskih tehnologij pri raziskavah na področju funkcijske genomike s poudarkom na tehnologiji DNA-mikromrež in NGS.
- Značilnosti omskih podatkov na področju raziskav funkcijske genomike s poudarkom na transkriptomskih podatkih.
- Načrtovanje poskusov z uporabo tehnologije DNA-mikromrež in NGS.
- Pred-obdelava in kontrola kvalitete podatkov DNA-mikromrež in NGS.
- Statistično modeliranje transkriptomskih podatkov (t-test, ANOVA, linearni modeli, permutacijske metode, popravek multiplih primerjav) in pristopi stabilizacije ocene variance.
- Metode nadzorovanega in nenadzorovanega strojnega učenja in odkrivanje zakonitosti iz transkriptomskih podatkov.
- Ocenjevanje kvalitete napovednih modelov na osnovi transkriptomskih podatkov (učna/testna množica, strategiji izpusti enega in prečnega preverjanja).
- Resursi in podatkovne baze za anotacijo genov in določanje skupin genov.
- Določanje obogatenosti skupin genov.
- Vizualizacija in interpretacija transkriptomskih podatkov.

Ime predmeta: **MATEMATIČNO MODELIRANJE V BIOINFORMATIKI**

Število ECTS kreditnih točk: **3**

Vsebina:

- Uvod. Kaj je matematično modeliranje? Vloga matematičnih modelov v naravoslovnih znanostih. Tipi matematičnih modelov.
- Uporaba programskih orodij. Kratek pregled programov Octave/Scilab.
- Diferencialne enačbe in sistemi diferencialnih enačb kot matematični modeli v naravoslovnih znanostih. Motivacijski zgledi. Pojem ravnovesne točke. Stabilnost v linearnih in nelinearnih sistemih. Fazni portreti. Osnove Poincare-Bendixonove teorije. Osnove bifurkacijske teorije. Aplikacije: epidemiološki modeli, modeli tekmovanja, modeli simbioze, dinamika plenilec-plen, molekularna kinetika, osnovni nevrološki modeli.

Ime predmeta: **SISTEMI III – INFORMACIJSKI SISTEMI**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Sodobna družba temelji na upravljanju informacij, ki družbi omogoča hitrejše prilagajanje spreminjajočim se potrebam. Ključno vlogo pri tem imajo računalniško podprti informacijski sistemi, ki jih pri tem predmetu obravnavamo tako s stališča njihovega vpliva na poslovno okolje kot tudi s stališča njihovega načrtovanja in razvoja.

Vsebina:

- Osnovni pojmi in vloga informacijskih sistemov v informacijski družbi.
- Informacijski sistemi v poslovnem procesu.
- Življenjski cikel razvoja informacijskih sistemov.
- Sistemska analiza in načrtovanje, strukturni in objektni pristop.

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

- Podatkovni in procesni modeli ter diagramske tehnike. Podatkovni slovar, strukturni diagram, DFD, ER, ELH. Uvod v UML.
- Zbiranje informacij, klasične in moderne tehnike.
- Načrtovanje vmesnikov, storitveno orientirana arhitektura (SOA).
- Računalništvo v oblaku.

Ime predmeta: **STRUKTURA BIOLOŠKIH MOLEKUL**

Število ECTS kreditnih točk: **3**

Vsebina:

V okviru predmeta bo v prvem delu narejen pregled v strukturo in funkcijo glavnih skupin bioloških molekul z nadaljnjo predstavitvijo kompleksnejših bioloških molekul. Nato bodo podrobneje obravnavane eksperimentalne metode, ki se uporabljajo pri identifikaciji struktur, predvsem proteinski NMR in proteinska kristalografija. Podan bo tudi pregled podatkovnih baz in analiznih orodij pri karakterizaciji proteinov (študenti z njihovo pomočjo za izbrani protein poiščejo gene, transkripte, sekundarno, terciarno in kvartarno strukturo, funkcijo, postranslacijske modifikacije, interakcije itd). Dotaknili se bomo tudi napovedovanja struktur bioloških molekul s teoretičnimi pristopi (ab initio metode, fold-recognition metode, homologno modeliranje, itd.) Študentje bodo spoznali tudi osnovne metode teoretične kemije za študij strukture in načrtovanje modulatorjev bioloških molekul. Spoznavanje QSAR modelov interakcij med ksenobiotikom (okoljski toksini, zdravilna učinkovina) in biološko molekulo, ki predstavlja tarčo in izzove učinke v organizmu (predstavitev lastnosti ksenobiotika pomembnih za učinke v organizmu).

Poglavitne teme:

- osnovne definicije bioloških molekul
- določanje strukture bioloških molekul: rentgenska kristalografija, NMR, elektronska mikroskopija,
- teoretično napovedovanje struktur bioloških molekul
- model QSAR - razmerje med strukturo in delovanjem ksenobiotikov na biološke makromolekule
- baze podatkov bioloških molekul (PDB, SCOP2, CATH, CSD, Expasy, GeneCards, UniProt, KEGG)
- uporaba računske kemije za študij proteinske strukture in funkcije in izbrani primeri

Ime predmeta: **PROJEKTNI SEMINAR (ZAKLJUČNA PROJEKTNA NALOGA)**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

Nosilec seminarja, v sodelovanju z drugimi učitelji študijskega programa Bioinformatika, predstavi potencialne teme zaključnih nalog, skupaj z osnovno literaturo. Študenti tudi sami predlagajo teme, ki jih zanimajo ter sodelujejo pri izboru literature.

Predstavitev strukture zaključne naloge ter načine citiranja in navajanja virov.

Zaključna naloga predvideva celovito obravnavo vsebine izbranega področja študijskega programa bioinformatike. Študent izbere temo glede na njihove interese in v dogovoru z mentorjem.

Dolžina in struktura naloge sta določeni v navodilih za pisanje zaključne naloge.

NOTRANJE IZBIRNI PREDMETI ŠTUDIJSKEGA PROGRAMA

Ime predmeta: **BIOMOLEKULARNO MODELIRANJE**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

V okviru predmeta bodo študentje spoznali osnovne tehnike 3D modeliranja struktur makromolekul na osnovi eksperimentalnih podatkov.

Poglavitne teme:

- modeliranje makromolekul na podlagi kristalnih in NMR struktur
- uporaba polja sil pri modeliranju in prilagajanju 3D struktur

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

- dinamične karakteristike makromolekul, uporaba ter primerjava molekularne dinamike in analize normalnih nihanj
- vizualizacija in interpretacija 3D modelov
- prosto-energijski izračuni
- molekulske sidranje
- kvantno-kemijski izračuni
- farmakofore in virtualno reševanje
- QSPAR

Računalniške vaje: praktični primeri modeliranja 3D struktur kompleksov receptor-ligand z uporabo programov GROMACS, bio3d, VMD, MAIN, GAUSSIAN ter ProBiS.

Ime predmeta: **MATEMATIČNA KEMIJA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

A. Teoretične osnove

- Osnove klasične kombinatorike
- Osnove formalnih jezikov
- Osnove teorije grafov
- Matrike, lastne vrednosti, lastni vektorji
- Zemljevidi na ploskvah, Eulerjeva formula
- Algoritmi na grafih v Sageu in Pythonu

B. Družine molekulskih grafov, Aplikacije v kemiji in biologiji

- Molekule in kemijski grafi
- DNK, RNK kot nizi
- Proteini kot nizi aminokislin
- Drevesa, molekularna drevesa, alkani
- Benzenodi in njihove posplošitve
- Fulereni in podobne strukture
- Kubični in subkubični grafi
- Generiranje grafov z orodji kot je CaGe
- House of Graphs in sorodne podatkovne baze

C Problemi na grafih z aplikacijami

- Spektralna teorija grafov (Hücklova teorija, HOMO-LUMO)
- Problemi prirejanja (Kekuléjeve strukture)
- Hamiltonovi cikli
- Barvanje grafov (Vozliščne oznake in atomi)
- Eulerjevi obhodi (poliedrska samosestava)

D Upodobitve grafov, risanje grafov in molekularna mehanika

- Uporaba lastnih vektorjev pri risanju grafov
- Metode Force-field
- Rotagrafi in drugi policirkulanti

E Invariante grafov ter topološki indeksi

- Wienerjev indeks
- Szeged indeks
- HL indeks
- etc.

Vsak poglavje je podprto z ustreznimi programi v Sage.

Ime predmeta: **PRISTOPI SISTEMSKE BIOLOGIJE PRI PROUČEVANJU BOLEZNI ČLOVEKA**

Število ECTS kreditnih točk: **6**

Vsebina:

V okviru predmeta bodo spoznali kritične parametre za reševanje sodobnih raziskovalnih problemov v medicini. Tekom predavanj se bodo spoznali z oblikovanjem raziskovalnega vprašanja, postavitvijo hipotez, načrtovanjem kliničnih študij in bioloških eksperimentov, spremenljivkami, statističnim ovrednotenjem, interpretacijo in vizualnim prikazom rezultatov. Na praktičnih primerih bodo študentje

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

vadili izbor spremenljivk, razmislili o vplivu dodatnih spremenljivk, o testiranju več hipotez in vplivu velikosti vzorca na dobljene rezultate. Predstavljene jim bodo tudi osnove epidemiologije in njihov pomen za raziskovanje bolezni človeka, z dokazi podprta medicina ter meta-analize.

Pri seminarskih vajah se bodo srečali z uporabnimi metodami molekularne biologije s poudarkom na prikazu podatkov o genih, epigenetiki, transkriptih, metabolomiki proteinih, ter njihovih funkcijah in interakcijah. Sledila bo praktična uporaba programov za analizo in vizualizacijo podatkov in prikaz primerov pisanja znanstvenega članka oz. raziskovalne naloge ter priprave ustne predstavitve s poudarkom na prikazovanju rezultatov. Pri seminarskih vajah bodo študenti seznanjeni s konkretnimi primeri reševanja vprašanj na primerih različnih bolezni človeka. V okviru predmeta bomo študentom predstavili tudi realne podatke študij molekularnih osnov različnih bioloških mehanizmov in obolenj, kot npr. odziv imunskega sistema in metabolne motnje in uporaba spletno dostopnih podatkovnih baz pri analizi le teh.

Poglavitne teme:

- Postavljanje, preizkušanje hipoteze (spremenljivke-odvisne, neodvisne, zavajajoče; sklepanje - deduktivno, induktivno, primerjalno; pravilnost in zanesljivost rezultatov- napake (tip I, II, interval zaupanja, metoda ponovnega vzorčenja) velikost učinka in moč študije
- Načrt študije, *in vitro/in vivo* eksperimenti, tipi predklinične, klinične študije; vzorčenje-velikost vzorca, ponovitve, randomizacija; napaka in pristranskost (bias) v izboru vzorca, izvedbi eksperimenta in načrtu študije
- Izvedba multiplih primerjav (post-hoc testi, Bonferoni, Tukey etc), ANCOVA, praktična uporaba regresije, osnove epidemiologije
- Biostatistika diagnostičnih testov in primerjava metod (analitična, diagnostična občutljivost, specifičnost, napovedna vrednost)
- Sistemska medicina, 4P medicina, personalizirana medicina
- Sistemska medicina v raziskavah in razvoju novih zdravil
- Etika in odobritve, osebni podatki in njihovo varstvo
- Pregled metod za pridobivanje – omskih podatkov in metod za njihovo experimentalno potrjevanje v medicinskih študijah s poudarkom na transkriptomiki, proteomiki, metabolomiki, pregled deponiranih podatkov in prosto dostopnih orodij za analizo teh podatkov z primeri iz različnih bolezni

Praktični pristopi k reševanju sodobnih medicinskih vprašanj:

- Vsake seminarske vaje bodo obravnavale eno bolezen in set podatkov pridobljen pri proučevanju (npr. revmatoidni artritis, ateroskleroza ipd)
- Uporabljeni bodo eksperimentalni podatki iz genomike, proteomike, epigenetike, metabolomike v razreševanju biološkega vprašanja in njihova problematika
- Uporaba spletno deponiranih podatkov in podatkovnih baz
- Vizualizacija podatkov, tabele in grafi za objavo in prezentacije - uporaba programa za vizualizacijo in statistiko
- Študenti bodo vadili načrtovanje študije pri kateri primerjajo dve populaciji in razmišljali, katere variable vplivajo na izid zdravljenja ali bolezni in predlagali načine za pridobivanje teh podatkov (nr digitalni biološki označevalci, sodobne prenosne elektronske naprave kar omogoča razvoj novih terapevtskih strategij)

V OKVIRU NOTRANJE IZBIRNOSTI lahko študenti izbirajo tudi naslednje predmete univerzitetnih študijskih programov prve stopnje na UP FAMNIT:

- Matematika: [Osnove numeričnega računanja](#); [Algebra III - Abstraktna algebra](#); [Teorija iger](#); [Verjetnost](#); [Stohastični procesi](#);
- Matematika v ekonomiji in financah: [Stohastični procesi II](#);
- Računalništvo in informatika: [Teoretične osnove računalništva II - Teorija formalnih jezikov in izračunljivost](#); [Teoretične osnove računalništva III - Teorija informacij](#); [Sistemi I - Strojna oprema](#); [Sistemi II - Operacijski sistemi](#); [Programiranje III - Vzoredno programiranje](#); [Računalniška omrežja](#);
- Varstvena biologija: [Varstvena biologija](#); [Sistematska botanika z geobotaniko](#); [Okoljski monitoring](#); [Geografske informacijske vede in sistemi](#); [Biodiverzitetna morja](#); [Zavarovanja območja in trajnostna raba](#); [Biogeografija](#); [Ekotoksikologija](#); [Biodiverzitetna in ekologija Sredozemlja](#); [Biološke vsebine v angleškem jeziku](#); [Ekologija](#);

BIOINFORMATIKA UN, 1. stopnja – opisi predmetov

- Sredozemsko kmetijstvo: [Rastlinska biotehnologija](#); [Molekularna diagnostika pri rastlinah](#); [Osnove rastlinske pridelave v Sredozemlju](#).

Vsebine zgoraj navedenih predmetov so dostopne pri predstavitvi matičnega študijskega programa v rubriki Predmetnik.