

МОЛБА

Школска 2024/25. година

ПОДАЦИ О ПОДНОСИОЦУ МОЛБЕ

Презиме:	Милаковић	Име:	Милош
Е-пошта:	mi211052@alas.matf.bg.ac.rs		
Број индекса:	1052/2021	Статус:	Самофинансирање
Ниво студија:	Мастер академске студије		

Тип: пријава теме мастер рада

Број молбе: m1052/2021-5

Катедра: Катедра за рачунарство и информатику

Секвенцирање антибиотика - електронска лекција

САДРЖАЈ МОЛБЕ:

Значај теме и области:

Протеини су једињења која се синтетишу у свакој ћелији организма, имају важне биолошке функције и састоје се од аминокиселина. Секвенцирање протеина представља процес одређивања примарне структуре протеина, односно одређивање низа аминокиселина од којих је протеин састављен. Примарна структура се одређује на основу података који су добијени уз помоћ машине која се назива масени спектрометар. Бројни савремени антибиотици су управо протеини и тачно одређивање њихове примарне структуре од кључног је значаја за разумевање механизма њиховог деловања и за синтезу нових или побољшаних антибиотика. Баш из тог разлога, секвенцирање антибиотика представља изузетно важну примену у борби против глобалне појаве - антибиотске резистенције.

Специфични циљ рада:

У овом раду биће развијена електронска лекција посвећена секвенцирању протеинских секвенци, са фокусом на интерактивно упознавање са различитим алгоритмским приступима. Лекција обухвата теоријско објашњење и визуелизацију следећих алгоритама за секвенцирање протеина: приступ грубом силом, *Branch and Bound* приступ, *Leaderboard* приступ, приступ спектралном конволуцијом и приступ *DeepNovo* секвенцирање. Биће приказана примена ових алгоритама на одређивање секвенци антибиотика. Корисницима ће бити омогућено да прате извршавање алгоритама корак по корак, са опцијама паузирања и понављања, чиме се олакшава разумевање комплексних процеса секвенцирања. Ова интерактивна платформа може служити као едукативни алат за студенте и предаваче у области биоинформатике.

Остале битне информације:

За серверску компоненту биће коришћен програмски језик *Python* као и *framework Django*, док ће за клијентску компоненту бити коришћен програмски језик *TypeScript* и *framework NextJS*. Апликација ће бити доступна на *Google Cloud Run* платформи а изворни код ће бити јавно доступан на *Github*-у.

Литература:

1. Pavel Pevzner, Philip Compeau, Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach Vol. I, Chapter 4: How Do We Sequence Antibiotics?, 2015

2. Zhang, Xin et al. DeepNovo: De novo peptide sequencing by deep learning. PNAS, 114:8247–8252, 2017

Комисија:

- 1. Ментор: Јована Ковачевић
- 2. Председник: Мирјана Маљковић Ружичић
- 3. Члан: Невена Ћирић

ПРИЛОЗИ МОЛБИ:

- 1. образац молбе за одобрење теме мастер рада

Београд, 23. јун 2025.

(потпис)

(Попуњава надлежна особа)

☒ ОДОБРАВА СЕ

☐ НЕ ОДОБРАВА СЕ

24. јун 2025., Мирослав Марић

(датум, име, презиме и потпис)

ОБРАЗЛОЖЕЊЕ: