

Универзитет у Београду
Математички факултет
Катедра за рачунарство и информатику
Предмет: Извештај о прегледу мастер рада

Одлуком Катедре и ННВ од 09.09.2016. именовани смо у комисију за одбрану мастер рада под насловом „Проналажење места интеграције ХИВ вируса у људском геному“ кандидата Сање Мијалковић, студента мастер студија, смер Информатика.

Кандидат је 8.09.2017. доставио текст свог рада члановима комисије. Тема рада је рачунарско одређивање места интеграције ХИВ вируса у људском геному. Рад се састоји из 6 поглавља: Увод, ХИВ вирус, Проблем проналажења места интеграције ХИВ вируса у људском геному, Ток анализе за проналажења места интеграције ХИВ вируса у људском геному, Провера рада HIVSeeker алгоритма и резултати, и Закључак и даљи рад. Списак референци коришћених у раду је наведен у посебном поглављу, док је програмски код развијеног алгоритма укључен у електронску верзију рада.

У првом поглављу су описани појмови који се користе у раду, поступак секвенцирања генома и историјат формирања секвенце људског генома. Поглавље се завршава описом формата за представљање биоинформатичких података који су коришћени у раду. У другом поглављу је укратко описан ХИВ вирус, његова епидемиологија и клиничка манифестација. У трећем поглављу је описан проблем који се решава, уз објашњење молекуларне структуре ретровируса (фамилије којој припада и ХИВ), његове интеграције у ћелије домаћина, као и природе података који су коришћени у развоју алгоритма за препознавање позиције интеграције вируса. Четврто поглавље представља централни део рада и садржи опис анализе неопходних корака за проналажење позиције интеграције вируса у геному домаћина, опис процеса припреме података и приказ развијеног алгоритма HIVSeeker. У петом поглављу су приказани резултати провере функционалности развијеног алгоритма.

Алгоритам је тестиран на два скупа података: над реалним узорком генома особе која је заражена вирусом ХИВ-а, и синтетички генерисаним узорком у који је уметнута секвенца ХИВ вируса. У првом случају је добијен велики број позиција који одговарају генима. Овај резултат није било могуће експериментално проверити јер у секвенцираном геному који је коришћен као улаз нису познате тачне позиције (делова) ХИВ секвенце, већ се само зна постоје. Провера алгоритма на другом улазном скупу је показао врло високу прецизност при одређивању позиција интеграције.

Литература наведена у раду садржи 41 коришћену референцу.

Закључак:

Увидом у текст Сање Мијалковић „Проналажење места интеграције ХИВ вируса у људском геному“ мишљења смо да приложени рад задовољава у потпуности захтеве који се постављају у изради мастер рада и предлажемо Катедри да одобри јавну одбрану рада.

У Београду,
12. септембра 2017.

Комисија

1. _____
/др Ненад Митић, ванредни професор/

2. _____
/др Саша Малков, ванредни професор/

3. _____
/др Милош Бељански, научни саветник ИОФХ/