

**МОЛБА  
ЗА ОДОБРАВАЊЕ ТЕМЕ МАСТЕР РАДА**

Молим да ми се одобри израда мастер рада под насловом:

Развој веб апликације за предикцију и метапредикцију Т-ћелијских епитопа

**Значај теме и области:**

Имуноинформатика је дисциплина биоинформатике која укључује примену рачунарских метода у решавању имунолошких проблема. Један од изазова имуноинформатике представља предикција Т-ћелијских епитопа. Т-ћелијски епитопи су врло значајне супстанце, по структури протеини, јер учествују у продукцији антитела која су одговорна за имунитет организма. Идентификација епитопа, поготово карактеристичних за тумор ћелије, од круцијалне је важности у дизајнирању вакцина и персонализоване тумор имунотерапије. Експерименталне методе за препознавање Т-ћелијских епитопа су веома скупе и временски захтевне што је условило потребу за развојем рачунарских метода за њихову предикцију.

**Специфични циљ рада:**

У раду ће бити изложене биолошке основе које стоје иза предикције епитопа, као и преглед предикционих метода и специфичних предикционих алата. Специфични циљ рада је развој веб апликације која ће обухватити неколико постојећих, јавно доступних предикционих алата, а које ће корисник моћи да покреће са жељеним параметрима. Као улаз, веб апликација ће користити примарну секвенцу протеина а као излаз ће, на основу одабраног предиктора, приказивати који су делови протеина препознати као епитопи и са којим скором. У оквиру веб апликације ће такође бити имплементиран и нови алат за метапредикцију епитопа. Метапредиктор ће користити предикције више постојећих алата и доносити коначну одлуку на основу различитих гласачких шема (консензуса). Биће урађена и упоредна анализа перформанси свих алата над постојећим експерименталним подацима.

**Литература:**

- [1] Rajat K. De, Namrata Tomar, "Immunoinformatics", Springer (2014)
- [2] Soria-Guerra, Ruth E., et al. "An overview of bioinformatics tools for epitope prediction: implications on vaccine development." Journal of biomedical informatics 53 (2015): 405-414.
- [3] Ghalwash, Mohamed F., A. Keith Dunker, and Zoran Obradović. "Uncertainty analysis in protein disorder prediction." Molecular BioSystems 8.1 (2012): 381-391.

**Милица Којичић, 1066/2015, Информатка**  
(име и презиме студ., бр. инд., ознака програма и модула)

Сагласан ментор **доц. др Јована Ковачевић**

\_\_\_\_\_  
(својеручни потпис студента)

\_\_\_\_\_  
(својеручни потпис ментора)

**12.06.2017.**  
(датум подношења молбе)

Чланови комисије

1. **проф. др Гордана Павловић-Лажетић**
2. **Анђелка Зечевић**

Катедра **за рачунарство и информатику** је сагласна са предложеном темом.

\_\_\_\_\_  
(шеф катедре)

\_\_\_\_\_  
(датум одобравања молбе)