



---

## Detaljni izvedbeni nastavni plan za kolegij:

# DIZAJN BIOLOŠKI AKTIVNIH MOLEKULA RAČUNALNIM METODAMA

---

**Akadska godina:** 2020/2021

**Studij:** Diplomski studij: Istraživanje i razvoj lijekova. Diplomski studij: Medicinska kemija.  
Diplomski studij: Biotehnologija u medicini

**Kod kolegija:** MK202

**ECTS bodovi:** 5

**Jezik na kojem se izvodi kolegij:** predavanja: hrvatski/engleski

**Nastavno opterećenje kolegija:** 24P +12S +12V.

ONLINE: 12S +12V, 24/48 = 50 %

**Preduvjeti za upis kolegija:** položen završni ispit iz kolegija (upisati naziv ako je primjenjivo): \_\_\_\_\_

Da bi uspješno pratili kolegij od studenta se očekuje da su tijekom studija uspješno savladali prijašnje kolegije, poimence: opću i organsku kemiju, biokemiju, fizikalnu i analitičku kemiju, bioorgansku kemiju, farmakologiju, matematiku i statistiku, fiziku, te informatiku. Ne postoji niti jedan razlog da se studenti ne znaju služiti programom Excel.

---

### Nositelj kolegija i kontakt podaci:

Željko Svedružić

[www.svedruziclab.com](http://www.svedruziclab.com)

e-mail: [insilico\\_ri@yahoo.com](mailto:insilico_ri@yahoo.com)

**Vrijeme konzultacija:** dostupan sam studentima 24/7.

**Izvođači i nastavna opterećenja:** Kompletnu nastavu drži Željko Svedružić uz povremenu pomoć članova laboratorija <https://www.svedruziclab.com/people/>

**Obavezna literatura:** je slobodno dostupna na: <https://www.svedruziclab.com/software/>

**Preporučena dodatna literatura (izborna):**



1. An Introduction to Medicinal Chemistry 6th Edition. Graham Patrick. Paperback: 832 pages. Publisher: Oxford University Press; 6 edition (June 20, 2017).
2. The Organic Chemistry of Drug Design and Drug Action 3rd Edition by Richard B. Silverman Ph.D
3. Biochemistry Eighth Edition by Jeremy M. Berg (Author), John L. Tymoczko (Author), Gregory J. Gatto Jr. (Author), Lubert Stryer (Author)
4. Molecular Modeling Basics 1st Edition by Jan H. Jensen
5. <http://downloads.wavefun.com/FAQ/AGuidetoMM.pdf>
6. <http://downloads.wavefun.com/FAQ/Spartan18Manual.pdf>
7. Lehninger Principles of Biochemistry Seventh Edition. David L. Nelson and Michael M. Cox. W. H. Freeman; Seventh edition (January 1, 2017)
8. Textbook of Biochemistry with Clinical Correlations 7th Edition by Thomas M. Devlin (Editor). John Wiley & Sons; 7 edition (January 19, 2010).

### **Opis predmeta (sažetak i ciljevi kolegija):**

---

Cilj kolegija je omogućiti polaznicima stjecanje znanja i vještina s kojima će moći samostalno raditi računalne analize strukture i funkcije biomolekula. Predavanja će se posebice koncentrirati na molekularnu dinamiku koristeći primjere analiza molekularnih interakcija, analiza reaktivnosti molekula i analiza molekularnih modifikacijama.

### **Ishodi učenja:**

---

Po završetku kolegija studenti će moći:

1. samostalno analizirati strukture i funkcije molekula, te molekularne interakcije metodama molekularne dinamike. Studenti će znati prepoznati različite sile i funkcionalne dijelove na molekulama koji kontroliraju dinamičke interakcije unutar molekularnih kompleksa.
2. samostalno analizirati funkcionalne skupine i reaktivnost molekula metodom kvantne kemije
3. samostalno dizajnirati nove lijekove, ili modificirati postojeće lijekove na osnovu identificiranih veznih interakcija, promjena u fleksibilnosti molekula, bioizostera, i farmakofornih grupa. Samostalno pretraživati baze podataka na osnovu farmakofornih skupina.
4. samostalno analizirati funkcije i strukture velikih biomolekula te dizajnirati nove lijekove na osnovu bioinformatičkih analiza velikih molekula (personalizirana medicina, proteinski inženjering).
5. samostalno provoditi numeričke analize i optimizacije ravnotežnih i kinetičkih pristupa za izučavanje molekularnih interakcija i enzimatskih mehanizama.

### **Detaljni sadržaj kolegija (teme/naslovi predavanja, seminara i vježbi):**

---

Predavanja:

P1. Uvodno predavanje: kroz primjere pokazat ćemo zašto su računalni pristupi važni za biokemiju



i dizajn novih lijekova. Većina primjera će biti iz naših istraživanja.

- P2. Kvantna (bio)kemija. Studenti će naučiti postavke QM metoda, te će računati elektronske gustoće, polariziranosti molekula, i energije HOMO-LUMO orbitala na malim molekulama. Ab initio vs. semi empirijske metode. Pokazat ćemo metode za koje je dodijeljeno više Nobelovih nagrada, zadnja je bila 1998:  
[http://www.nobelprize.org/nobel\\_prizes/chemistry/laureates/1998/](http://www.nobelprize.org/nobel_prizes/chemistry/laureates/1998/)
- P3-P4. Kvantna biokemija. Studenti će naučiti na malim molekulama analize reaktivnosti molekula, reakcijskih koordinata i mehanizma reakcije. Gledat ćemo unaprijed pripremljene primjere analize enzimatskih mehanizama metodama kvante kemije. Studenti će se upoznati kako dizajnirati suicid-inhibitore enzima na osnovu stečenih spoznaja o katalitičkom mehanizmu.
- P5. Kristalografske, NMR i EM metode za analize dinamičnih promjena u strukturi biomolekula. Studenti će gledati elektronske gustoće, Ramachandran-ove prikaze, NMR konformacije. Studenti će naučiti što su dinamične petlje u proteinskim strukturama. Advanced Poisson-Boltzmann (APBS) analize električnih potencijala oko molekula. Studenti će naučiti kako računati električna polja oko molekula u različitim uvjetima ionske jakosti. Studenti će naučiti kako molekula stvara električna polja, te kako ta električna polja mogu utjecati na svojstva molekula.
- P6-P7. Protein Ligand veze. Različiti primjeri iz Protein Data Bank će se koristiti za analize protein-ligand, protein-otapalo i ligand-otapalo interakcija koristit će se za prikaz različitih sila koje reguliraju interakcije među molekulama.
- P8-P9. Protein DNA/RNA interakcije, DNA/RNA interakcije s ligandima. Gledat ćemo različite primjere iz Protein Data Bank-a.
- P10. Protein Ligand in silico docking. Rigid-body docking će se koristiti za in silico protein ligand docking. Studenti će naučiti što je conformation space i kako koristiti ovakve pristupe u dizajnu i procjeni struktura novih lijekova.
- P11. In silico visokoprotlačni pristup za istraživanje novih lijekova (In silico high throughput screening). Studeti će pretraživati neke od komercijalnih baza spojeva kao bi pronašli ligande koji su in silico komplementari ciljnom proteinu. Koristiti će se program razvijen u suradnji s našim laboratorijem RxDock ([www.RxDock.org](http://www.RxDock.org)).
- P12-P13. Molekularna dinamika protein ligand kompleksa. Na predavanjima će pokazati studentima kako pripremiti protein i ligand za analize protein-ligand kompleksa metodama molekularne dinamike. Studenti će se upoznati s pojmovima kao što su: PSF dokumenti, polje sila (force filed), parametrijacija molekula, te pojmove AMBER, CHARMM, NAMD, GROMACS. Studenti će se upoznati i s osnovama numeričkih integracija u postavkama simulacija. Studeti će naučiti metode za koje je dodjeljena Nobelova nagrada 2013 godine:  
[http://www.nobelprize.org/nobel\\_prizes/chemistry/laureates/2013/](http://www.nobelprize.org/nobel_prizes/chemistry/laureates/2013/)
- P14-P15. Molekularna dinamika, analiza rezultata MD analiza protein ligand kompleksa. Studenti će naučiti analizirati dinamične proteinske komplekse upotrebom SASA, RMSF, RMSD 2D mapa, g(r) analiza. Prikazati će se Maxwell-Boltzmann-ove distribucije iz MD analiza. Studenti će naučiti kako promjene u strukturi liganda mogu koristiti za optimizaciju vezanja liganda na proteine.
- P16. Molekularna dinamika u različitim vremenskim okvirima. Prikazati će se metode „svaki-atom“



i „gruba“ molekularna dinamika („all-atom“ i „residue-based-coarse-grained“ molekularna dinamika). Studenti će naučiti kako se molekule gibaju u različitim vremenskim okvirima (i.e. fs, ps, ns,  $\mu$ s, ms), te će uspoređivati analize atomskih i grubih simulacija molekularnih gibanja koristeći naše primjere sa superračunala. Analiza rezultata s Bio3D protokolom u programu Rstudio.

- P17-P18. Protein-Protein interakcije i proteini u biomembranama. Koristeći primjere iz PDB baze podataka te unaprijed pripremljene analize sa superračunala studenti će naučiti razlike između protein-protein i protein-ligand interakcija., te što je supramolekularna organizacija i direktno prosljeđivanje supstrata (engl. substrate channeling). Studenti će naučiti razlike između lijekova koji ciljaju protein-protein i protein-ligand interakcije. Koristeći primjere iz PDB baze podataka te unaprijed pripremljene analize sa superračunala studenti će naučiti kako se lijekovi vežu na membranske proteine. Kako sastav membrane utječe na strukture proteina.
- P19-P20. Farmakoforne grupe i bioizosteri. Studenti će naučiti kako pretraživati baze podataka po funkcionalnim grupama i bioizosterima. Studenti će naučiti kako razlike u bioizosterima koristiti u procjeni protein-ligand vezanja i dizajna novih lijekova. Analiza bioisostera i farmakofornih grupa kroz usporedbu molekularnih konformacija te 3D preklapanjima po funkcionalnim grupama i strukturalnim sličnostima. Opisat će se dijelovi strukture koji odabranom ligandu omogućavaju vezanje u prikazani kompleks, te dijelovi koji se mogu modificirati da bi se poboljšala ADME svojstva. Osnove QSAR i SAR metoda. Programi Cresset (Torch, Forge, Blaze i Spark) i Open3DQSAR.
- P21-P22. Enzimaska kinetika, alosterička regulacija, tipovi inhibicije i aktivacije enzima, vezanje višestrukih liganda na protein. Studenti će naučiti kako prepoznati različite enzimatske mehanizme koristeći numeričke simulacije pomoći programa KinTek. Reakcije s višestrukim supstratima i produktima, te procesivnost enzima na DNA molekulama. Kinetika pre-stabilnog stanja i kinetika stabilnog stanja. Mjerenja koncentracije aktivnog enzima u složenim otopinama.
- P23. Evolucija proteina i personalizirana medicina. VMD i ClustalW analize će se koristiti kako bi se usporedili različiti protein koji mogu imati evolucijske sličnosti na osnovu enzimatskog mehanizma, biokemijske funkcije ili 3D strukture. Studenti će upoznati evoluciju proteinskih domena, te konvergentnu i divergentnu evoluciju proteinskih struktura. Studenti će naučiti što je energetski lijevak stvaranja proteinskih struktura (engl. protein-folding funnel).
- P24. Modeliranje proteina na osnovu homologije u slijedu aminokiselina i bioinformatika. Studenti će upoznati UniProt bazu podataka, te Modeler-BLAST, FASTA. Studenti će naučiti kako raditi mutacije i alanine-scanning protokole in silico.

#### Seminari:

- S1. Studenti po svojoj želji mogu odabrati njihovu omiljenu malu molekulu za analizu QM metodama koje su predstavljene na predavanju koristeći programe Avogadro-GAMESS-wxMacMolPlot.
- S2. Studenti po svojoj želji mogu odabrati njihovu omiljenu kemijsku reakciju za analizu QM metodama koje su predstavljene na predavanju koristeći programe Avogadro-GAMESS-wxMacMolPlot.



- S3. studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljenu molekulu u PDB bazi podataka, te napraviti analize 2Fc-Fo mapa, analize Ramachandran-ovih prikaza i NMR konformacije koristeći različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljene molekule u PDB bazi podataka, te napraviti svoje APBS analize koristeći PDB2PQR i APBS programe. Za analize rezultata koristit će se različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera.
- S4. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljeni protein-ligand kompleks u PDB bazi podataka, te analizirati interakcije unutar kompleksa koristeći VMD, pymol, Chimera programe.
- S5. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljeni protein-DNA/RNA kompleks or DNA/RNA-ligand kompleks u PDB bazi podataka, te analizirati interakcije unutar kompleksa različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera.
- S6. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljeni protein-ligand kompleks u PDB bazi podataka, te izračunati različite konformacije vezanja liganda i popratne energije koristeći programe VINA, AutoDock i Open3DQSAR. In silico HTS analize s programom RxDock ([www.rxdock.org](http://www.rxdock.org)). Za analizu rezultata korsiitit će se različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera.
- S7. Studenti mogu po svojoj želji u PDB-u odabrati svoj omiljen mali protein s ligandom i napraviti simulacije MD u vremenskom okviru od 1 pikosekunde koristeći programe VMD i NAMD.
- S8. Studenti će na svojoj omiljenoj molekuli iz svojih MD izračuna napraviti predstavljene analize molekularnih gibanja (dinamike) koristeći VMD program.
- S9. Studenti će iz baze podataka odabrati svoje omiljene lijekove, i koristiti te lijekove za pretragu farmakofornih i bioizosternih grupa u bazama kemijskih struktura i dizajn novih lijekova. Koristit će se programi Cresset (Torch, Forge, Blaze i Spark) i Open3DQSAR.
- S10. Studenti po svojoj želji mogu odabrati enzimatski mehanizam i numerički simulirati svojstva tog mehanizma koristeći programe KinTek i Excel.
- S11. Koristeći strukture iz PDB-a studenti po svojoj želji moraju analizirati moguće evolucijske veze unutar grupe proteina koristeći različite funkcije u programima VMD i ClustalW.
- S12. Studenti po svojoj želji moraju odabrati omiljenu molekulu u PDB bazi podataka, te modelirati jednu homolognu strukturu prema odabranoj molekuli pomoću Chimera-Modeller-BLAST programa.

#### Vježbe:

- V1. Kvantna (bio)kemija. Postavke QM metoda s programima Avogadro-WinGAMESS-MacMolPlot, i WaveFunction-Spartan.
- V2. Kvantna (bio)kemija. Analize QM rezultata s programima Avogadro-WinGAMESS-MacMolPlot, i VMD.
- V3. Kristalografske, NMR i EM metode za analize strukture molekula koristeći različitim funkcijama u programima VMD, pymol, Chimera. Advanced Posson-Boltzman analize električnih potencijala oko molekula koristeći različitim funkcijama u programima VMD, pymol, Chimera.
- V4. Analize protein-ligand, protein-otapalo i ligand-otapalo interakcija koristeći različitim



- funkcijama u programima VMD, pymol, Chimera.
- V5. Analize protein DNA/RNA interakcije, DNA/RNA ligand interakcija koristeći različitim funkcije u programima VMD, pymol, Chimera.
  - V6. Protein Ligand in silico docking s programima VINA-AutoDock-Chimera te Open3DQSAR. In silico HTS s programom RxDock ([www.rxdock.org](http://www.rxdock.org))
  - V7. Molekularna dinamika protein ligand kompleksa. Postavke MD simulacija koristeći AMBER, CHARMM, za parametrizaciju molekula, VMD za pripremu simulacija i NAMD za simulacije.
  - V8. Molekularna dinamika, analiza rezultata MD analiza protein ligand kompleksa koristeći program VMD.
  - V9. Farmakoforne grupe i bioizosteri. Postavke u programima Cresset (Torch, Forge, Blaze i Spark), kemijskim bazama podataka, i Open3DQSAR.
  - V10-V11. Postavke numeričkih simulacija enzimatskih mehanizama s programima KinTek i Excel.
  - V12. Bioinformatika i modeliranje proteina na osnovu homologije u slijedu aminokiselina prema UniProt bazi podataka koristeći BLAST i FASTA protokole u programima VMD, Modeller, Chimera. Evolucija proteina i personalizirana medicina s programima VMD i ClustalW.

### **Obveze, način praćenja i vrednovanje studenata:**

---

Nakon predavanja studenti moraju rezultate svake vježbe napisati kao „**domaću zadaću iz vježbi**“. Sve „domaće zadaje iz vježbi“ treba poslati voditelju kolegija **KAO JEDAN PDF** dokument na adresu [insilico\\_ri@yahoo.com](mailto:insilico_ri@yahoo.com), najkasnije jedan dan nakon drugog pismenog ispita.

Paralelno s „domaćim zadacima iz vježbi“, studenti trebaju napraviti po svom izboru „**domaće zadaje po želji**“. „Domaće zadaje po želji“ su zamišljene kao izraz kreativnih sloboda studenata. Studenti mogu analizirati svoje omiljene molekule ili dizajnirati nove molekule koristeći znanja koja su stekli na predavanjima i tijekom studija. Sve „domaće zadaje po želji“ treba poslati voditelju kolegija **kao JEDAN PDF** dokument na adresu [insilico\\_ri@yahoo.com](mailto:insilico_ri@yahoo.com), najkasnije jedan dan nakon drugog pismenog ispita.

Sve „domaće zadaje“ ocjenjivat će se po principu „prolazno:ne-prolazno“ za svaku vježbu. Prolaznu ocjenu od 90% dobiti će sve domaće zadaje koje sadrže sve analize koje su predstavljene na satu, i nemaju očite greške koje ukazuju na nepoznavanje temeljnih pojmova. Osobna kreativnost, znači samoinicijativa u izboru vježbi donosi 100%.

Lista zadaća:

- Z1. Studenti po svojoj želji mogu odabrati njihovu omiljenu malu molekulu za analizu QM metodama koje su predstavljene na predavanju koristeći programe Avogadro-GAMESS-wxMacMolPlot.
- Z2. Studenti po svojoj želji mogu odabrati njihovu omiljenu kemijsku reakciju za analizu QM metodama koje su predstavljene na predavanju koristeći programe Avogadro-GAMESS-wxMacMolPlot i VMD.
- Z3. studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljenu molekulu u PDB bazi podataka, te napraviti analize 2Fc-Fo mapa, analize Ramachandran-ovih prikaza i NMR konformacije koristeći



različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljene molekule u PDB bazi podataka, te napraviti svoje APBS analize koristeći PDB2PQR i APBS programe. Za analize rezultata koristit će se različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera.

- Z4. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljeni protein-ligand kompleks u PDB bazi podataka, te analizirati interakcije unutar kompleksa koristeći VMD, pymol, Chimera programe.
- Z5. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljeni protein-DNA/RNA kompleks or DNA/RNA-ligand kompleks u PDB bazi podataka, te analizirati interakcije unutar kompleksa različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera.
- Z6. Studenti po svojoj želji mogu odabrati omiljeni protein-ligand kompleks u PDB bazi podataka, te izračunati različite konformacije vezanja liganda i popratne energije koristeći programe VINA, AutoDock i Open3DQSAR. Za analizu rezultata koristit će se različite funkcije u programima VMD, Pymol, i Chimera.
- Z7. Studenti mogu po svojoj želji u PDB-u odabrati svoj omiljen mali protein s ligandom i napraviti simulacije MD u vremenskom okviru od 1 pikosekunde koristeći programe VMD i NAMD.
- Z8. Studenti će na svojoj omiljenoj molekuli iz svojih MD izračuna napraviti predstavljene analize molekularnih gibanja (dinamike) koristeći VMD program.
- Z9. Studenti će iz baze podataka odabrati svoje omiljene lijekove, i koristiti te lijekove za pretragu farmakofornih i bioizosternih grupa u bazama kemijskih struktura i dizajn novih lijekova. Koristit će se programi Cresset (Torch, Forge, Blaze i Spark) i Open3DQSAR.
- Z10-Z11. Studenti po svojoj želji mogu odabrati enzimatski mehanizam i numerički simulirati svojstva tog mehanizma koristeći programe KinTek i Excel.
- Z12. Studenti po svojoj želji moraju odabrati omiljenu molekulu u PDB bazi podataka, te modelirati jednu homolognu strukturu prema odabranoj molekuli pomoću Chimera-Modeller-BLAST programa. Koristeći strukture iz PDB-a studenti po svojoj želji moraju analizirati moguće evolucijske veze unutar grupe proteina koristeći različite funkcije u programima VMD i ClustalW.

### **Ispitni rokovi:**

1. prvi pismeni ispit će se održati u utorak 15. Prosinca 2020.
2. drugi pismeni ispit će se održati u ponedjeljak 22. Prosinca 2020.
3. studenti moraju predati sve zadaće za ocjenjivanje do 12:00 u utorak 23. Prosinca 2020. Studenti koji ne predaju minimalno 70% zadaća do predstavljenog datuma nisu zadovoljili potreban minimum i ne mogu dobiti prolaznu ocjenu.
4. drugi ispiti rok 24 siječnja 2021.

### **Formiranje ocjene (prema Pravilniku o studijima Sveučilišta u Rijeci):**

Praćenje i ocjenjivanje studenata, način polaganja ispita bit će odrađeno po pravilniku.

**Konačna ocjena:** Studentima će biti predložena konačna ocjena na osnovu rezultata domaćih zadaća i pismenih ispita. Student ne može dobiti prolaznu ocjenu ako nije napisao



obavezne domaće zadaće. Domaće zadaće po želji i prvi pismeni ispit predstavljaju ocjenske bodove iz kontinuiranog dijela nastave. Domaće zadaće po želji nose 25% ocjenskih bodova, prvi pismeni ispit 25% ocjenskih bodova, i završni pismeni ispit donosi 50% ocjenskih bodova.

Studenti koji su tijekom kontinuiranog dijela nastave ostvarili:

- od 0 do 24,9% ocjenskih bodova ne mogu pristupiti završnom ispitu
- više od 25% ocjenskih bodova mogu pristupiti završnom ispitu.

Prema postignutom ukupnom broju ocjenskih bodova dodjeljuju se sljedeće konačne ocjene:

Postotak usvojenog znanja i vještina	ECTS ocjena	Brojčana ocjena
90% do 100%	A	Izvrstan (5)
75% do 89,9%	B	Vrlo dobar (4)
60% do 74,9%	C	Dobar (3)
50% do 59,9%	D	Dovoljan (2)
0% do 49,9%	F	Nedovoljan (1)

### Raspored nastave:

Datum	Grupa	Vrijeme	Mjesto	Oblik nastave	Izvođač
01.12.2020.	1a	14-15 h	O-336	P1-P2	Željko Svedružić
Tu	1	15-16 h	MS Teams	V1	Željko Svedružić
	1	16-17 h	MS Teams	S1	Željko Svedružić
	1b	17-18 h	O-336	P1-P2	Željko Svedružić
	2	18-19 h	MS Teams	V1	Željko Svedružić
	2	19-20 h	MS Teams	S1	Željko Svedružić
02.12.2020.	1a	12-13 h	O-336	P3-P4	Željko Svedružić
We	1	13-14 h	MS Teams	V2	Željko Svedružić
	1	16-17 h	MS Teams	S2	Željko Svedružić
	2	17-18 h	MS Teams	S2	Željko Svedružić





	2	18-19 h	MS Teams	V2	Željko Svedružić
	1b	19-20 h	O-336	P3-P4	Željko Svedružić
03.12.2020.	1	10-11 h	O-336	P5	Željko Svedružić
Th	1	11-12 h	MS Teams	V3	Željko Svedružić
	1	12-13 h	MS Teams	S3	Željko Svedružić
	2	13-14 h	MS Teams	S3	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	V3	Željko Svedružić
	1	15-16 h	O-336	P5	Željko Svedružić
04.12.2020.	1	12-13 h	O-336	P6-P7	Željko Svedružić
Fr	1	13-14 h	MS Teams	V4	Željko Svedružić
	1	14-15 h	MS Teams	S4	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	S4	Željko Svedružić
	2	15-16 h	MS Teams	V4	Željko Svedružić
	1	16-17 h	O-336	P6-P7	Željko Svedružić
07.12.2020.	1	10-11 h	O-336	P8	Željko Svedružić
Mo	1	11-12 h	MS Teams	V5	Željko Svedružić
	1	12-13 h	MS Teams	S5	Željko Svedružić
	2	13-14 h	MS Teams	S5	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	V5	Željko Svedružić



	1	15-16 h	O-336	P8	Željko Svedružić
08.12.2020	1	14-15 h	O-336	P9	Željko Svedružić
Tu	1	15-16 h	MS Teams	V5	Željko Svedružić
	1	16-17 h	MS Teams	S5	Željko Svedružić
	2	17-18 h	MS Teams	S5	Željko Svedružić
	2	18-19 h	MS Teams	V5	Željko Svedružić
	1	19-20 h	O-336	P9	Željko Svedružić
09.12.2020.	1	12-13 h	O-336	P10-P11	Željko Svedružić
We	1	13-14 h	MS Teams	V6	Željko Svedružić
	1	16-17 h	MS Teams	S6	Željko Svedružić
	2	17-18 h	MS Teams	S6	Željko Svedružić
	2	18-19 h	MS Teams	V6	Željko Svedružić
	1	19-20 h	O-336	P10-P11	Željko Svedružić
10.12.2020.	1	10-11 h	O-336	P12-P13	Željko Svedružić
Th	1	11-12 h	MS Teams	V7	Željko Svedružić
	1	12-13 h	MS Teams	S7	Željko Svedružić
	2	13-14 h	MS Teams	S7	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	V7	Željko Svedružić
	1	15-16 h	O-336	P12-P13	Željko Svedružić



11.12.2020.	1	12-13 h	O-336	P14-P15	Željko Svedružić
Fr	1	13-14 h	MS Teams	V8	Željko Svedružić
	1	14-15 h	MS Teams	S8	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	S8	Željko Svedružić
	2	15-16 h	MS Teams	V8	Željko Svedružić
	1	16-17 h	O-336	P14-P15	Željko Svedružić
14.12.2020.	1	10-11 h	O-336	P16	Željko Svedružić
Mo	1	11-12 h	MS Teams	V8	Željko Svedružić
	1	12-13 h	MS Teams	S8	Željko Svedružić
	2	13-14 h	MS Teams	S8	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	V8	Željko Svedružić
	1	15-16 h	O-336	P16	Željko Svedružić
15.12.2020.	1	15-17 h	O-336	P17	Željko Svedružić
15.12.2020.	1	17-18 h	MS Teams	Prvi kolokvij	Željko Svedružić
16.12.2020.	1	12-13 h	O-336	P18-P19	Željko Svedružić
We	1	13-14 h	MS Teams	V9	Željko Svedružić
	1	16-17 h	MS Teams	S9	Željko Svedružić
	1	17-18 h	MS Teams	S9	Željko Svedružić
	1	18-19 h	MS Teams	V9	Željko Svedružić



	1	19-20 h	O-336	P18-P19	Željko Svedružić
17.12.2020.	1	10-11 h	O-336	P20	Željko Svedružić
Th	1	11-12 h	MS Teams	V10	Željko Svedružić
	1	12-13 h	MS Teams	S10	Željko Svedružić
	2	13-14 h	MS Teams	S10	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	V10	Željko Svedružić
	1	15-16 h	O-336	P20	Željko Svedružić
18.12.2020.	1	12-13 h	O-336	P21-P22	Željko Svedružić
Fr	1	13-14 h	MS Teams	V11	Željko Svedružić
	1	14-15 h	MS Teams	S11	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	S11	Željko Svedružić
	2	15-16 h	MS Teams	V11	Željko Svedružić
	1	16-17 h	O-336	P21-P22	Željko Svedružić
21.12.2020.	1	10-11 h	O-336	P23-P24	Željko Svedružić
Mo	1	11-12 h	MS Teams	V12	Željko Svedružić
	1	12-13 h	MS Teams	S12	Željko Svedružić
	2	13-14 h	MS Teams	S12	Željko Svedružić
	2	14-15 h	MS Teams	V12	Željko Svedružić
	1	15-16 h	O-336	P23-P24	Željko Svedružić



15.12.2020	Svi	17-18 h	0-030	prvi kolokvij	Željko Svedružić
22.12.2020	Svi	12-14 h	0-030	završni ispit	Željko Svedružić

### **Dodatne informacije:**

---

#### **Način praćenja kvalitete i uspješnosti izvedbe:**

Studenti mogu uspoređivati svoja predavanja s materijalom koji se može naći na internetu. Na internetu se mogu naći video predavanja i tekstualni opisi sličnih kolegija s vrhunskih sveučilišta. Naša predavanja su sastavljena u skladu s predavanjima na vrhunskim sveučilištima uz neke male prilagodbe kako bi se program uskladio s našim studijskim programom. Predavanja su otvorenog tipa, tijekom rada na računalima studenti mogu razgovarati s predavačem ili međusobno.

Direktno nakon svakog pismenog ispita nositelj kolegija predstaviti će studentima odgovore na ispitna pitanja. Studenti imaju pravo javno diskutirati pitanja i odgovore, te kriterije ocjenjivanja sa svojim kolegama i s nositeljem kolegija. Studenti imaju pravo dobiti na uvid svoje ispravljene ispise. Na žalost zbog praktičnih razloga nositelj kolegija ne može studentima dati riješene pismene ispise u trajno vlasništvo.

Mole se svi studenti da se odazovu vrednovanju kvalitete nastavnog rada nastavnika i suradnika kako bi se na temelju procjena i sugestija mogla unaprijediti nastava na ovom kolegiju. Vrednovanje nastave putem ISVU sustava provodi se aplikacijom „studomat“ na obrascu definiranom na razini Sveučilišta u Rijeci, a rezultati su anonimni. Više informacija o svim aspektima ovog procesa možete pronaći u Priručniku za kvalitetu studiranja Sveučilišta u Rijeci.

#### **Akademski čestitost**

Studenti su dužni poštovati načela akademske čestitosti te se upućuju na dokumente Sveučilišta u Rijeci: Etički kodeks Sveučilišta u Rijeci te Etički kodeks za studente. Ako se pokaže da dva studenta imaju isti tekst ili iste slike u domaćim zadaćama, bez obzira tko je prepisivao od koga, oba studenta će dobiti negativne ocjene iz zadaća i neće moći dobiti prolaznu ocjenu iz kolegija. Pitanja ili razgovori bilo kojeg oblika nisu dozvoljeni na pismenim ispitima.