

Međunarodna interdisciplinarna istraživanja u fokusu interesovanja našeg Univerziteta

Prof.dr Cvjetin Živanović, prorektor za nauku, istraživanje i razvoj Univerziteta „Privredna akademija“ Brčko distrikt BiH, u svojstvu delegiranog posmatrača, prisustvovao je 10.06.2026. godine, **BelBi 2026**, međunarodnoj konferenciji, koja se održala od 8. do 10. juna 2026. godine u **hotelu Metropol Palace u Beogradu**.



BelBi 2026, šesta BelBi konferencija, pruža dinamičnu platformu za naučnike, istraživače, inženjere, stručnjake iz industrije, kliničare, edukatore i studente da istraže najnovije ideje i napredak u interdisciplinarnim istraživanjima na presjeku računarstva, matematike, statistike, prirodnih nauka, medicine, bioinformatike, nauke o podacima i vještačke inteligencije. Podstiče otvoreno i gostoljubivo okruženje koje inspiriše razmjenu znanja i dugoročnu međunarodnu saradnju.

BelBi 2026 je bila odlična prilika za povezivanje sa istomišljenicima, sticanje novih uvida u savremene dosege inovacija.

Glavni govornici



Prof. dr. Igor Jurišica

**Korištenje stvarne i umjetne inteligencije u medicini usmjerenoj na pacijenta
Istraživački institut Krembil, Univerzitet u Torontu, Toronto, Kanada**

Dr. Igor Jurišica je viši naučnik na Schroederovom institutu za artritis i Centru za otkrivanje nauke o podacima za hronične bolesti, Istraživačkog instituta Krembil, UHN, te profesor na

Univerzitetu u Torontu, kao i pridruženi profesor računarske biologije na MBZUAI Školi za digitalno javno zdravlje. Od 2021. godine obnaša dužnost naučnog direktora World Community Grida, virtualne superračunarske platforme koja omogućava napredna istraživanja otvorene nauke i otvorenih podataka u korist čovječanstva.

Njegovo istraživanje fokusira se na integrativnu informatiku i reprezentaciju, analizu i vizualizaciju visokodimenzionalnih podataka kako bi se identifikovali prognostički i prediktivni potpisi, odredile klinički relevantne kombinovane terapije i razvili tačni modeli mehanizma djelovanja lijekova i signalnih kaskada promijenjenih bolesti. Prepoznat je među vodećim stručnjacima za vještačku inteligenciju primijenjenu u otkrivanju lijekova i onkologiji.



Prof. dr. Edoardo Pasoli

Integracija metagenomike na nivou sojeva u ljudske i prehrambene mikrobiome

Odsjek za poljoprivredne nauke, Univerzitet u Napulju Federico II, Napulj, Italija

Dr. Edoardo Pasoli je vanredni profesor na Odsjeku za poljoprivredne nauke Univerziteta Federico II u Napulju, Italija. Njegova istraživanja usmjerena su na razvoj i primjenu naprednih računarskih i mašinskih pristupa za metagenomiku, s posebnim fokusom na integrativne analize velikih razmjera ljudskih i mikrobioma povezanih s hranom. Doprinio je poboljšanju metoda rezolucije na nivou sojeva, omogućavajući visokoprecizno profiliranje mikrobne raznolikosti, funkcionalnog potencijala i dinamike prijenosa između domaćina, okruženja i ekoloških niša. Njegov rad podržava dublje razumijevanje strukture, evolucije mikrobioma i njegovih implikacija na zdravlje, ishranu i prehrambene sisteme.

Ranije je bio dobitnik individualne stipendije Marie Skłodowska-Curie na Univerzitetu u Trentu. Također je završio postdoktorsku obuku na Univerzitetu u Trentu, Univerzitetu Purdue i NASA-inom Centru za svemirske letove Goddard.



Prof. dr. Oksana Valerianovna Galzitskaja

Bioinformatičke i proteomske studije biomakromolekula

Nacionalni istraživački centar za epidemiologiju i mikrobiologiju Gamaleja, Moskva, Rusija

Dr. Oksana Valerianovna Galzitskaya je šefica Laboratorija za bioinformatiku u Nacionalnom istraživačkom centru za epidemiologiju i mikrobiologiju Gamaleya i vodi Laboratorij za bioinformatiku i proteomiku u Institutu za istraživanje proteina Ruske akademije nauka.

Njeno istraživanje integriše molekularnu biologiju, biofiziku i bioinformatiku, s fokusom na savijanje proteina, formiranje amiloida i intrinzično poremećene proteine. Razvila je teorijske i računarske okvire za identifikaciju jezgara savijanja, predviđanje amiloidogenih i poremećenih regija i modeliranje mehanizama pogrešnog savijanja i agregacije proteina.

Njen rad je doprinio razumijevanju formiranja amiloidnih fibrila, polimorfizma i ponašanja proteina povezanih s bolestima, podržavajući napredak u identifikaciji terapijskih ciljeva i dizajnu antimikrobnih peptida.



Dr. Alexandre de Brevern

Predviđanje patogenosti varijanti kombinovanjem modela proteinskog jezika i bioloških karakteristika

Institut za zdravstvena i medicinska istraživanja, Pariz, Francuska

Alexandre G. de Brevern je viši istraživač na INSERM-u i šef Odjela za dinamiku struktura i interakcije bioloških makromolekula (DSIMB, INSERM UMR_S 1134, BIGR). Njegova istraživanja imaju dva glavna pravca: (i) razvoj inovativnih metodologija korisnih za naučnu zajednicu i (ii) specifična primjena na proteine uključene u bolesti i patologije. Doprinio je s više od 20 alata, web servera i baza podataka usmjerenih na analizu, poređenje i predviđanje fleksibilnosti proteinske strukture. Poznat je po radu na lokalnim konformacijama proteina (β -okreti, PPII helixi, β -izbočine) i po uvođenju proteinskih blokova, strukturne abecede koja se široko koristi za analizu proteinskih struktura i dinamike, neuređenih regija i mjesta vezivanja. Primjenjuje Bayesove i mašinske pristupe učenja (ANN, SVM, duboko učenje) i koristi modeliranje/MD za proučavanje proteina povezanih s bolestima, posebno u transfuzijskoj biologiji.

Pozvani govornici

- [Agnes Tantos](#), Institute of Molecular Life Science, Budapest, Hungary
- [Andrea Gelemanović](#), School of Medicine, University of Split & Mediterranean Institute for Life Sciences, University of Split, Split, Croatia
- [Andrey Przhibelskiy](#), University of Helsinki, Department of Computer Science, Helsinki, Finland
- [Cedric Notredame](#), Centre for Genomic Regulation, Barcelona, Spain
- [Gábor Erdős](#), Institute of Biology, Faculty of Science, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary
- [R. Gonzalo Parra](#), Barcelona Supercomputing Center, Spain
- [Dušan Radojević](#), Institute of Molecular Genetics and Genetic Engineering, University of Belgrade, Belgrade, Serbia
- [Jovana Kovačević](#), Faculty of Mathematics, University of Belgrade, Belgrade, Serbia
- [Lubomir Lou Chitkushev](#), Boston University, Boston, USA
- [Marija Gavrović-Jankulović](#), Faculty of Chemistry, University of Belgrade, Belgrade, Serbia
- [Mikel Hernaez](#), Center for Applied Medical Research, University of Navarra, Pamplona, Spain

- *Milana Grbić*, Faculty of Natural Sciences and Mathematics, University of Banja Luka
- *Ming Chen*, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, China
- *Minja Belić*, Buck Institute for Research on Aging, Navato, USA
- *Noel Malod-Dognin*, Mohamed bin Zayed University of Artificial Intelligence, Abu Dhabi, United Arab Emirates
- *Olga Tarasova*, Laboratory of big data analysis for digital pharmacology, Institute of Biomedical Chemistry, Moscow, Russia
- *Predrag Radivojac*, Khoury College of Computer Sciences, Northeastern University, Boston, USA
- *Thomas Mohr*, Faculty of Chemistry, University of Vienna, Vienna, Austria
- *Venkata Satagopam*, Luxembourg Centre For Systems Biomedicine, University of Luxembourg, Esch-sur-Alzette, Luxembourg
- *Verena Paulitschke*, Medical University of Vienna, Vienna, Austria
- *Vladimir Brusić*, Boston University, Boston, USA
- *Vladimir Jovanović*, Freie Universität Berlin, Department for Biology, Chemistry and Pharmacy, Berlin, Germany
- *Vladimir Kovačević*, School of Electrical Engineering, University of Belgrade, Belgrade, Serbia
- *Yulia Medvedeva*, Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow, Russia & Mohamed bin Zayed University of Artificial Intelligence, Abu Dhabi, United Arab Emirates