

УНИВЕРЗИТЕТ СВ. КИРИЛ И МЕТОДИЈ-СКОПЈЕ
Факултет за информатички науки и компјутерско инженерство



студиска програма

БИОИНФОРМАТИКА

Скопје, 2010 г.

1. Основни податоци за студиската програма

Назив на студиската програма	БИОИНФОРМАТИКА (Bioinformatics)
Назив на дипломата	Магистер по електротехника и информациски технологии студиска програма „биоинформатика“
Компетенции *	Постдипломските студии по биоинформатика ќе ги оспособат студентите за разбирање, развивање и користење на напредни алгоритми и техники за анализа, индексирање, пребарување и користење на податоци од биолошките бази на податоци, како и моделирање на настаните и процесите кои се случуваат на ниво на клетка, орган или организам, вклучувајќи ги најновите технологии од областите бази на податоци, молекуларна биологија, генетика и машинска интелигенција
Јазик	Македонски, Англиски
Носител (институти или др.)	Институт за интелигентни системи

2. Дополнителни информации за студиската програма

2.1. Услови за запишување на студиската програма

Р.бр.	Листа на завршени додипломски студии
1	Факултет за информатички науки и компјутерско инженерство
2	Факултет за електротехника и информациски технологии
3	Компјутерско инженерство - ПМФ
4	Други соодветни студии

2.2. Образложение за потребите за воведување на студиската програма

Идентификација на потребите и можностите за вработување	Биоинформатиката е релативно нова интер-дисциплинарна научна област во која се применуваат современите алгоритамски решенија од информатичката наука врз податоци добиени од биолошките експерименти. Огромната количина на биолошки податоци потребно е соодветно да се обработи и складира со цел да може ефикасно да се искористи. Преку моделите кои би се граделе врз основа на знаењата од системската биологија ќе може да се допре до непознатите настани кои се случуваат во организмот кога е заразен со некој вирус, а со тоа и да се идентификуваат слабостите на вирусот и да се направи модел за негово уништување. Добиените резултати во голема мерка ќе ги олеснат, осовременат и лесно би се примениле во фармацевтските компании, биологијата, медицината и областите генетика и протеомика .
--	--

2.3. Податоци за меѓународна споредливост на студиската програма

1. Назив на студиска програма 2. Универзитет 3. web-страница на студиската програма	Master Science in Bioinformatics Georgia Tech University http://www.biology.gatech.edu/graduate-programs/bioinformatics/new/program_overview.php
1. Назив на студиска програма 2. Универзитет 3. web-страница на студиската програма	Master Degree in Proteomics and Bioinformatics Swiss Institute of Bioinformatics http://www.isb-sib.ch/teaching/GE/intro.htm
1. Назив на студиска програма 2. Универзитет 3. web-страница на студиската програма	MSc in Bioinformatics University of Oxford http://bioinfomsc.stats.ox.ac.uk/courses/index.html
1. Назив на студиска програма 2. Универзитет 3. web-страница на студиската програма	MSc in Bioinformatics De Montfort University http://www.cse.dmu.ac.uk/mscbioinfo

2.4. Дополнителни можности и перспективи на студиската програма

Студентите кои ќе ги завршат овие постдипломски студии ќе се стекнат со исклучителни теоретски знаења и практични вештини во областите биоинформатика, системска биологија, бази на податоци и компјутерска интелигенција, со што ќе бидат способни за:

- анализа на проблемите за индексирање и пребарување кои се појавуваат во биолошките бази на податоци
- развој на сервиси за пристап и користење на податоците од биолошките бази на податоци
- евалуација на различни можности на алгоритмите и технологиите применливи во биоинформатиката
- применување на соодветни алгоритамски решенија
- истражувања за развој на нови алгоритми и технологии
- развој на експертни информационални системи кои решаваат проблеми од биоинформатиката

3. План и предмети на студиската програма

3.1.1. Преглед на наставни дисциплини на студиската програма

Ред. број	Назив	Семестар		Кредити		Фонд часови
1	Основи на молекуларна биологија	IX		5		3+0+0+1
2	Алгоритми во биоинформатиката	IX		5		3+0+0+1
3	Задолжителен општо-образовен (се избира еден од табелата 3.1.1.1)	IX		5		2+0+0+4
4	Изборен предмет	IX		5		
5	Изборен предмет	IX		5		
6	Изборен предмет	IX		5		
7	Напредни математички и статистички техники		X		5	3+0+0+1
8	Изборен предмет		X		5	
9	Магистерски труд		X		20	
				30	30	

3.1.1.1. Задолжителни општо-образовни дисциплини (предмети)

Ред. број	Назив	Семестар	Кредити	Фонд часови
3.1	Истражувачки методи и техники на пишување	IX	5	2+0+0+4
3.2	Проектен менаџмент	IX	5	2+0+0+4

3.1.2. Изборни предметни дисциплини (предмети)

Ред. број	Назив	Семестар	Кредити	Фонд часови
1	Структурна биоинформатика	IX	5	3+0+0+1
2	Бази на податоци и напредни техники за чување, организација и обработка на податоците	IX	5	3+0+0+1
3	Математичка биологија	IX	5	3+0+0+1
4	Машинска интелигенција и учење	IX	5	3+0+0+1
5	Биолошки онтологии	IX	5	3+0+0+1
6	Протеомика	IX	5	3+0+0+1
7	Програмски јазици и софтверски алатки во биоинформатиката	IX	5	3+0+0+1
8	Пресметувачки и математички модели на невронски системи	X	5	3+0+0+1
9	Филогенетика и компаративна генетика	X	5	3+0+0+1
10	Напредни техники за дизајн на алгоритми	X	5	3+0+0+1
11	Нумерички и вејвлет методи	X	5	3+0+0+1
12	Напредни технологии за манипулација и визуелизација на биоинформатички податоци	X	5	3+0+0+1
13	ИС базирани на знаење	X	5	3+0+0+1
14	Вовед во математички био/науки	IX	5	3+0+0+1

3.1.3 Распределени наставници по предмети

РБ	Предмет	Наставник-ци
1	Основи на молекуларна биологија	Доц. Д-р С. Панов
2	Алгоритми во биоинформатиката	Доц. Д-р С. Калајџиски
3	Напредни математички и статистички техники	Проф. Д-р Љ. Коцарев
4	Структурна биоинформатика	Доц. Д-р С. Калајџиски
5	Бази на податоци и напредни техники за чување, организација и обработка на податоците	Проф. Д-р Д. Давчев
6	Математичка биологија	Проф. Д-р Љ. Коцарев
7	Машинска интелигенција и учење	Проф. Д-р Љ. Коцарев
8	Биолошки онтологии	Доц. Д-р А. Кулаков
9	Протеомика	Доц. Д-р С. Калајџиски
10	Програмски јазици и софтверски алатки во биоинформатиката	Проф. Д-р В. Трајковиќ, Доц. Д-р А. Кулаков
11	Пресметувачки и математички модели на невронски системи	Проф. Д-р Љ. Коцарев, доц. Д-р А. Кулаков
12	Филогенетика и компаративна генетика	Доц. Д-р С. Панов, доц. Д-р М. Младенов
13	Напредни техники за дизајн на алгоритми	В. Проф. Д-р В. Трајковиќ, доц. Д-р С. Калајџиски
14	Нумерички и вејвлет методи	Проф. Д-р М. Кујумџиева Николовска, Доц. Д-р К. Санева Хаџивелкова
15	Напредни технологии за манипулација и визуелизација на биоинформатички податоци	проф. Д-р С. Лошковска, Доц. Д-р Д. Ѓорѓевиќ
16	ИС базирани на знаење	Доц. Д-р С. Калајџиски
17	Вовед во математички био-науки	доц. д-р Е. Хаџиева

3.1.3. Куси содржини за наставните дисциплини (предметите)

Наставна дисциплина	Основи на молекуларна биологија				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	задолжителен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	Биологија
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе се здобие со знаење за основните принципи, процеси и методи во молекуларната биологија				
Содржина	<p>Вовед - основни концепти на науката за животот и на молекуларните аспекти во биологијата. Дефиниција на молекуларната биологија и кус историски осврт. Централна догма на молекуларната биологија. ДНК молекулите како носители на генетските информации; Основни карактеристики на наследниот материјал; структура на ДНК и Вотсон-Криков модел; структурна организација на ДНК молекулот во хромозомите. Репликација на ДНК; ДНК полимерази; иницирање на репликацијата; репликациска вилушка; елонгација; реплизом - молекуларна машина за ДНК репликација; специфики на ДНК репликацијата кај еукариотите; терминирање на ДНК репликацијата. Транскрипција - синтеза на РНК по урнек на ДНК. Структура и функција на РНК молекулите. Транскрипција кај прокариотите; инцијација на транскрипцијата, елонгација на транскрипцијата и терминацијата на транскрипцијата кај <i>E. coli</i>. Транскрипција кај еукариотите. Посттранскрипциски модификации; процесирање на 5' и 3' краевите на примарниот транскрипт од протеин-кодирачките гени. РНК сплајсинг - прекројување на примарниот РНК транскрипт; алтернативен сплајсинг. Транслација - синтеза на протеини. Генетски код. Транспортна РНК; Рибозомите како транслациска машинерија. Процес на транслација; иницијација, елонгација и терминација на транслацијата. Протеини - номенклатура, големина на протеинските молекули. Нивоа на протеинската структура - примарна, секундарна, терциерна и кватернарна структура. Структурна класификација на протеините. Примери на глобуларни, фибриларни и мембрански протеини. Регулација на генската експресија.</p>				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Сашо Панов, "Основи на молекуларната биологија и молекуларната генетика ", Универзитет Св. Кирил и Методиј, Скопје; 2. Alberts B, Johnson A, Lewis J, Raff M, Roberts K, Walter P. „Molecular Biology of the Cell“, <i>Garland Science</i>. 4th edition, 2002; 3. Suzuki DT, Lewontin RC, Wessler SR, Gelbart WM, Miller JH, Griffiths AJF. “An Introduction to Genetic Analysis”, <i>W. H. Freeman</i>. 8th edition, 2004; 4. Watson JD, Baker TA, Bell SP, Gann A, Levine M, Losick R. “Molecular Biology of the Gene”, <i>Benjamin Cummings</i>. 5th edition, 2003. 				

Наставна дисциплина	Алгоритми во биоинформатиката				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	задолжителен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на веќе постоечките алгоритми развиени за решавање на биоинформатички проблеми, а исто така ќе биде оспособен за развој на сопствени алгоритми				
Содржина	Во овој предмет ќе се изучуваат основите алгоритми и нивните напредни варијации за решавање на различни проблеми. Посебен акцент ќе биде ставен на нивна				

	примена во биоинформатичките проблеми. Структурата на предметот ќе опфаќа: алгоритми и нивна комплексност, лакоми алгоритми, динамичко програмирање, раздели и владеј алгоритми, граф алгоритми, комбинаторно препознавање на шаблони, кластерирање и стебла, скриени Маркови модели, веројатносни алгоритми, глобално/локално порамнување на парови секвенци, порамнување на повеќе секвенци, матрици на замена, пребарување на бази на податоци со секвенци, BLAST и негови варијации
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Ingvar Eidhammer, Inge Jonassen, William R. Taylor, "Protein Bioinformatics: An Algorithmic Approach to Sequence and Structure Analysis", Wiley, 1 edition, 2004 2. David W. Mount, "Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis", Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2 edition, 2004 3. N. C. Jones, P. A. Pevzner, "An introduction to bioinformatics algorithms", MIT Press, 2004

Наставна дисциплина	Напредни математички и статистички техники				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
X	задолжителен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на математичките техники за моделирање и анализа на биолошки системи				
Содржина	Овој предмет ги опфаќа методите на статистичката инференција и стохастичкото моделирање со апликација на функционалната геномика и пресметковната молекуларна биологија. Ќе бидат применети пресметки преку користење на податоци од биолошките бази на податоци. Структурата на предметот ќе опфаќа: статистичка теорија за анализа на секвенци и пребарување на бази на податоци, Маркови модели и скриени Маркови модели, елементи на Баесовата и инференцијата на сличност, дискретни податочни модели, примена на анализа со линеарна регресија, методи за мултиваријантна податочна анализа (PCA, кластерирање), софтверски алатки за статистички пресметки.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Morris H. DeGroot, Mark J. Schervish, "Probability and Statistics", Addison Wesley, 3 edition, 2001 2. Warren J. Ewens, Gregory Grant, "Statistical Methods in Bioinformatics: An Introduction (Statistics for Biology and Health)", Springer; 2 edition, 2005 3. Laxmi Parida, "Pattern Discovery in Bioinformatics: Theory & Algorithms", Chapman & Hall/CRC, 1 edition, 2007 				

Наставна дисциплина	Истражувачки методи и техники на пишување				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	задолжителен	2+0+0+4	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентите ќе бидат оспособени за самостојно истражување и подготвување на соодветен извештај, како и премин од обична примена кон продуцирање на научни и истражувачки резултати. По завршување на курсот се очекува студентот да ја знае организацијата / структурата на техничките и научните извештаи. знае да користи цитати и референции во пишаните технички документи, го познава процесот на креирање на инженерски и научен труд				
Содржина	Академско пишување. Quality assessment, Review of scientific work, Конструктивни критики, организациски и етички правила, правила за цитати и референцирање, академска култура, студентско-центрирано учење, Anti-discrimination and equal opportunities. Преглед на интелектуалната сопственост и закон за копирање, опсег и видови достапни публикации, алатки за пребарување и indices, цитирање, библиографии и пребарување на citation. Процес на истражување, научни методи за истражување, извори на финансирање, пишување на предлози за истражување				

	(проекти), оценување на предлози за истражувачки проекти, планирање на истражувачки проект, селектирање на резултати за публикување, структурирање на научни трудови, процес на оценка на научен труд, презентација на постери и трудови на конференции, публикување во академски и инженерски журнаи. Прегледи на литература, читање и сумирање на релевантни трудови, цел и структура на прегледен труд, примери на прегледни трудови. Истражувачка филозофија.
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. B. Roberts, Getting the Most Out of the Research Experience What Every Researcher Needs to Know, SAGE Publications 2007 2. R. Phelps, K. Fisher, A. Ellis, Organizing and Managing, A Practical Guide for Postgraduates, SAGE Publications, 2007 3. M. Alley, The Craft of Scientific Presentations Critical Steps to Succeed and Critical Errors to Avoid, Springer Verlag, 2003

Наставна дисциплина	Проектен менаџмент					
	Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
	IX	задолжителен	2+0+0+4	5	МК/АНГ	ЕЦРП
Предуслови						
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за ефективно планирање и контрола на проектите. Дефинирање на улогата на проект менаџерот и другите учесници во проектот. Мерење на перформансите на проектниот менаџмент. Алатки и техники во проектн менаџмент. Проектна анализа и проектна документација. Економска евалуација на проектите.					
Содржина	<p>Водење и менаџирање во современа организациска култура. Распознавање на различни лидерски стилови за водење на проекти. ISO 100006 стандард. Project Management Body of Knowledge-PMBOK водич во проектниот менаџмент. Проект и проектнo планирање на IT/IS проекти. Организација според проектите. Организирање на групите во тимови. Проект менаџер. Принципи на Total Quality Management (TQM) System. Концепти и методи на TQM. Влијание на TQM на подобрување на процесот. Воведување на систем на менаџмент на квалитет. Техничка документација во проекти. Видови и форми на документација. Граници на поедините видови на документација. Техничка документација во проектите. Работен план и програма. Кусорочни, среднорочни и долгорочни планови. Деловен план. Бизнес план. Проектна документација, Тендери, Понуди и Договори. Turn-key, DBOT проекти и припадна документација. Комерцијални, технички, социјални, институционални, финансиски и економски аспекти на проектите. Аспекти на животната средина. Методолошки основи на проектна анализа. Анализа Трошоци-Ефекти. Готовински тек (Cash-flow). Pay-back период и профитабилност на IT/IS проектите. Методи за евалуација на проектите. Менаџмент на ризикот. Типови и извори на ризикот. Планирање на ризикот. Идентификација на ризикот. Квалитативни и квантитативни анализи на ризиците. Матрица на влијанието на ризиците. Статистички основи на менаџментот на ризик. Случаи за анализа. Учење од проектите.</p>					
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. C. Gray & E. Larson, Project Management, Mc Graw Hill, 2003. 2. PMI Standards Committee, A Guide to the Project Management Body of Knowledge, 2007. 3. C. Lake, Mastering Project Management, Thorogood 1997. 					

3.1.2. Изборни предметни дисциплини (предмети)

Наставна дисциплина	Структурна биоинформатика				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за анализа на протеинските структури, нивно користење и извлекување на дополнително знаење кое би се применило врз предикција на функција и структура на непознати протеински молекули				
Содржина	Во функционирањето на организмите главна улога играат протеините, при што нивната функција е директно поврзана со ниваната тродимензионална структура. Познавањето на протеинската структура може да дозволи развој на дополнително знаење и методи кои би се искористиле за предвидување на структурата и функцијата на протеините. Структурата на предметот е следната: Техники за експериментално одредување на протеинска структура (NMR спектроскопија, X-ray кристалографија), формати на протеинска структура, PDB датотеки, структурно-класификациски шеми (CATH, SCOP), предвидување и порамнување по структура, одредување на функцијата од структурата, компаративно моделирање, препознавање на извиткувања.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Philip E. Bourne, Helge Weissig, "Structural Bioinformatics", Wiley-Liss, 1 edition, 2003 2. Arthur M. Lesk, "Introduction to Protein Architecture: The Structural Biology of Proteins", Oxford University Press, USA, 1 edition, 2001 3. David Whithford, "Proteins: Structure and Function", Wiley, 1 edition, 2005 				

Наставна дисциплина	Бази на податоци и напредни техники за чување, организација и обработка на податоците				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за моделирање на бази на податоци за биоинформатички типови на податоци, управување и користење на ваквиот тип на податоци				
Содржина	Преглед на традиционални системи на бази на податоци базирани на релациониот модел, објектно-ориентирани и објектно-релациони модели. SQL3 стандард. Пребарување на неструктурирани податоци по содржина од аспект на база на податоци. Типови на прашања за испитување на сличност. Шеми за индексирање на неструктурирани податоци (R дрва, X дрва, M дрва). Системи за управување со податоци во текстуални бази на податоци, системи за управување со биоинформатички бази на податоци. Напредни концепти за управување со податоци: хеширање и multi-key методи на пристап, за податоци во главна меморија и податоци на диск. Напредни алгоритми за управување на податоци, учење и откривање на знаење во бази за неструктурирани податоци. Осврт на проблемите на избор на карактеристики на податоците, високдимензионо индексирање, интерактивно пребарување и добивање на информации, откривање на шеми на повторување и скалабилност.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mark L. Gillenson, "Fundamentals of Database Management Systems", Wiley, 1 edition, 2004 2. P. Heinckens, "Building Scalable Database Applications: Object-Oriented Design, Architectures, and Implementations", Addison-Wesley Professional, 1999 3. T.Kyte, "Expert Oracle Database Architecture: 9i and 10g Programming Techniques and Solutions", Apress; Pap/Cdr edition, 2005 				

Наставна дисциплина	Машинска интелигенција и учење				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на најважните алгоритми и техники кои се развиени во областа машинска интелигенција и учење				
Содржина	Надгледувано учење. Баесова теорија на одлучување. Класификација. Баесови мрежи. Асоцијативни правила. Параметарски методи. Параматерска класификација. Регресија. Редукција на димензионалноста. Principal Component Analysis. Мултидимензионално скалирање. Linear Discriminant Analysis. Кластерирање. k-means кластерирање. Expectation-maximization алгоритам. Надгледувано учење по кластерирање. Хиерархиско кластерирање. Дрва на одлука. Класификациски дрва. Регресиони дрва. Линеарна дискриминација. Повеќе-слојни перцептрони. Скриени Маркови модели. Учење со поттикнување.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. E. Alpaydin, "Introduction to Machine Learning (Adaptive Computation and Machine Learning)", The MIT Press, 2004 2. T. Mitchell, "Machine learning", McGraw-Hill Science/Engineering/Math; 1 edition, 1997 3. Sushmita Mitra, Sujay Datta, Theodore Perkins, George Michailidis, "Introduction to Machine Learning and Bioinformatics (Computer Science and Data Analysis)", Chapman & Hall/CRC; 1 edition, 2008 				

Наставна дисциплина	Математичка биологија				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на математичките модели на различни биолошки модели				
Содржина	Популациски модели од еден вид: непрекинати модели, дискретни модели, стабилност, бифуркациона анализа. Популациски модели од повеќе видови: модели на ловци и жртви, Lotka-Volterra системи. Коопетициски модели. Кинетика на реакции: основни реакции на ензими. Автокатализа, активација и инхибиција. Биолошки осцилатити и прекинувачи: кратка историја, мотивации, контролни механизми со повратна врска. Осцилатори и прекинувачи со две и повеќе видови. Теоријата на Hodgkin-Huxley за нервни мембрани, моделот на FitzHugh-Nagumo. БЖ реакции. Пертурбирани и поврзани осцилатори. Динамика на инфективни болести. Дифузни реакции и нелокални механизми. Биолошки бранови.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. J.D. Murray, Mathematical Biology. Springer-Verlag, 3rd ed. in 2 vols.: Mathematical Biology: I. An Introduction, 2002 2. L. Edelstein-Keshet, Mathematical Models in Biology. SIAM, 2004. 3. S.H. Strogatz, Nonlinear dynamics and Chaos: Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering. Perseus, 2001. 				

Наставна дисциплина	Протеомика				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде запознаен со основните принципи на протеомиката и начините на одредување на функцијата на протеинот				
Содржина	Вовед во геномика, транскриптомика и протеомика. Стратегии за одделување на протеини. Идентификација на протеини. Протеомика и анализа на протеинските секвенци. Структурна протеомика. Интерактивна протеомика. Експериментални и пресметковни методи за одредување на интеракцијата помеѓу протеините. Модуларна анализа на мрежите на протеински интеракции. Тополошка анализа на мрежите на интеракција на протеини. Статистичка анализа и анализа базирана на машинско учење врз мрежите од протеински интеракции. Интеграција на GeneOntology во анализата на мрежите од протеински интеракции.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. R.M.Twyman, "Principles of Proteomics", Taylor & Francis, 2007 2. Ingvar Eidhammer, Kristian Flikka, Lennart Martens, and Svein-Ole Mikalsen "Computational Methods for Mass Spectrometry Proteomics", Wiley-Interscience, 2008 3. Aidong Zhang, "Protein Interaction Networks: Computational Analysis", Cambridge University Press, 2009 				

Наставна дисциплина	Биолошки онтологии				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на биолошките онтологии, развивање на сопствени онтологии и нивно прилагодување во дигиталната библиотека на биоинформатички податоци				
Содржина	Синтакса, структура и семантика. Разбирање на содржината: мета-податоци, стандарди, XML+мета-податочна спецификација, RDF и процесирање на мета-податоци. Онтологија, доменско моделирање, логика, контекстуална класификација и техники за извлекување на семантички мета-податоци (статистички, статистичко учење/ВИ, лексички и природни јазици, базирани на знаење). Разгледување на веќе постоечки онтологии развиени за доменот на биоинформатика, со посебен акцент на онтологијата GeneOntology (GO).				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Christopher J.O. Baker, Kei-Hoi Cheung, "Semantic Web: Revolutionizing Knowledge Discovery in the Life Sciences", Springer, 1 edition, 2006 2. R. Sharman, R. Kishore, R. Ramesh: "Ontologies (Integrated Series in Information Systems)", Springer, 2006 3. http://www.geneontology.org 				

Наставна дисциплина	Програмски јазици и софтверски алатки во биоинформатиката				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на скриптни програмски јазици и алатки за симулација и анализа на проблеми од биоинформатиката и системската биологија				
Содржина	Вовед во програмирање во биоинформатика со главен осврт на скриптни јазици, Perl и Python. Основите од Perl ќе вклучуваат поклопување на шаблони, искористување на BioPerl модулот во пишувањето на Perl скрипти и кодирање со стандардни Perl модули. Основите од Python ќе вклучуваат изучување на стрингови и торки преку разбирање на листи и речници, и пишување на скрипти со користење на BioPython модулот. Вовед во користење на алатки за симулација во биоинформатиката и системската биологија со главен осврт на Bioinformatics Toolbox и SimBiology модулите од MatLab. Ќе бидат анализирани функционалностите кои ги нудат алатките за различни симулации и ќе бидат искористени во конкретни анализи. Ќе биде даден и посебен осврт на SBML како нов стандард за опишување на податоците во системската биологија.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. James Tisdall, "Beginning Perl for Bioinformatics", O'Reilly Media, 2001 2. M. L. Model, James Tisdall, "Bioinformatics Programming with Python", O'Reilly Media, 2009 3. The MathWorks, Inc., "Bioinformatics Toolbox User's Guide", The MathWorks, Inc., 2009 4. The MathWorks, Inc., "SimBiology User's Guide", The MathWorks, Inc., 2009 				

Наставна дисциплина	Филогенетика и компаративна генетика				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
X	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење и проширување на алгоритмите за градба на филогенетски дрва и изградба на апликации за компаративна генетика				
Содржина	Овој предмет обезбедува практичен вовед во областа филогенетика и компаративна генетика. Теоретската основа на молекуларната еволуција ќе биде обезбедена со цел информирање за компаративната анализа на геномичните податоци. Дополнително ќе биде даден осврт на терминот филогенетика и градбата на филогенетски дрва. Акцент на предметот ќе биде ставен на разбирањето и користењето на мноштвото на пресметковни алатки развиени за екстракција на значајни биолошки информации од молекуларните секвенци. Ќе бидат обезбедени и дополнителни информации на концептуално ниво и значењето на алгоритмите кои се користат како основа на различни алатки за анализа на секвенци, како и можности за нивно прилагодување и проширување. Врз основа на овие алгоритми, студентите ќе бидат охрабрени да развиваат сопствени пристапи и алатки за дополнителна анализа на секвенците и градба на филогенетски дрва.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Charles Semple, Mike Steel, "Phylogenetics (Oxford Lecture Series in Mathematics and Its Applications, 24)", Oxford University Press, USA, 2003 2. Marco Salemi, Anne-Mieke Vandamme, "The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny", Cambridge University Press, 1 edition, 2003 3. Masatoshi Nei, Sudhir Kumar, "Molecular Evolution and Phylogenetics", Oxford University Press, USA, 1 edition, 2000 				

Наставна дисциплина	Пресметувачки и математички модели на невронски системи				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
X	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на пресметувачки техники и математичките модели за моделирање и анализа на невронските системи				
Содржина	Невронско кодирање и декодирање: статистика на нервните импулси, реверзна корелација и визуелно рецептивни полиња, невронско декодирање, теорија на информации. Неврони и невронски кола: невроелектроника, проводливост и морфологија, мрежни модели. Адаптација и учење: пластичност и учење, методи на учење, репрезентирачко учење.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. P. Dayan and L. F. Abbott, <i>Theoretical Neuroscience Computational and Mathematical Modeling of Neural Systems</i>, The MIT Press 2001 2. T. J. Sejnowski and J. L. van Hemmen, <i>23 problems in systems neuroscience</i>, Oxford University Press 2006. 3. M. A. Arbib, Shun-ichi Amari, P. H. Arbib, <i>The Handbook of Brain Theory and Neural Networks</i>, The MIT Press 2002. 				

Наставна дисциплина	Напредни техники за визуелизација на биоинформатички податоци				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
X	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Способност за користење на техниките за визуелизација при приказот на биоинформатички податоци, изработка на веб сервиси при градењето на биоинформатичката апликација, техники за визуелизација на симулационите резултати од истражувањата				
Содржина	Во овој предмет ќе бидат разгледани стандардните техники за визуелизација на податоци. Посебен акцент ќе биде ставен на визуелизацијата на ДНК, РНК и протеинските структури. Структурата на предметот ќе опфаќа основи на компјутерска графика и веб сервисите како основни граѓени елементи на модуларните информатички системи; Градење на геометриски модели на биоинформатички податоци: репрезентација на криви и површини, оптимизација на површини; Визуелизација: техники за проектирање; рендерирање на површини: текстури; рендерирање на волумен; композитно рендерирање. Програмирање на ActiveX компоненти за веб базирано прикажување на 3Д објекти. SOA архитектури. Основна архитектура на веб сервисот. Публикување на веб сервиси. Интегрирање на веб сервисите во интерфејсот на апликацијата која се развива.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Chaomei Chen, <i>Information Visualization: Beyond the Horizon</i>, Springer, 2 edition, 2004 2. Gerard Morel, <i>Visualization of Nucleic Acids</i>, CRC, 1 edition, 1995 3. Thomas Erl, <i>Service-Oriented Architecture: A field guide to integrating XML and web services</i>, Prentice Hall PTR, 2004 				

Наставна дисциплина	ИС базирани на знаење				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
X	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за моделирање и развој на информациона системи базирани на знаење				
Содржина	Бази на податоци и бази на знаење. Агенти, фази логика и бази на знаење како поддршка на адаптивните, агилни информациона системи. Просторно- временски бази на податоци и GIS. Современи алатки за анализа и пребарување на податоци. Складови на податоци и системи за одлучување. "Data mining" (податочна рударење). "Data Mining" и визуализација. Откривање знаење кај базите на податоци (Knowledge Discovery in Databases – KDD) технологии: Процеси на селекција, предпроцесирање, трансформација, интерпретација/ евалуација. Персонализација. Онтолошки структури, XML технологии и семантички Web.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. P. Kantor, et al., "Information Retrieval", Kluwer, 2000 2. D. A. Grossman, O. Frieder: "Information retrieval – Algorithms and heuristics", Springer, 2004 3. E. Turban, J. E. Aronson, T-P. Liang, R. Sharda: "Decision Support and Business Intelligence Systems", Prentice Hall, 2006 4. Збирка актуелни трудови од проучуваната област 				

Наставна дисциплина	Нумерички и вејвлет методи				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
X	изборен	3+0+0+1	5	МК	МФ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за користење на различни нумерички и вејвлет методи при дефинирање и решавање на математички модели од областа на биоинформатиката				
Содржина	Математичко моделирање на проблеми од областа на биоинформатиката. Елементи од теорија на грешки, извори на грешки. Нумеричко решавање матрични равенки. Сопствени вредности и сопствени вектори. LR и LDR декомпозиција. Нумеричко решавање операторски равенки. Интерполација: полиномна, рационална, сплајн и вејвлет. Апроксимација на функции: техники на најмалы квадрати, минимум и максимум техники на грешки, мултирезолуциона апроксимација, нелинеарна вејвлет апроксимација. Нумеричко интегрирање. Нумеричко решавање диференцијални равенки. Вејвлет методи за парцијални диференцијални и интегрални равенки. Користење готови програмски пакети. Примена во биоинженерството.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. S. C. Chapra, R. P. Canale, "Numerical methods for engineers", McGraw-Hill Education (ISE Editions); 5th edition, 2008 2. R. W. Hamming, "Numerical Methods for Scientists and Engineers", Dover Publications, second edition, 1986 3. A. Ralston, P. Rabinowitz, "A first course in numerical analysis", Dover Publications, 2001 4. A. H. Siddigi, "Applied Functional Analysis: numerical methods, wavelet methods, and image processing", CRC, 2003 5. K. Urban, "Wavelets in Numerical Simulations", Springer, 2002 				

Наставна дисциплина	Напредни техники за дизајн на алгоритми				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
X	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	КТИ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде опособен за користење и развивање на напредни алгоритми применливи за решавање на биоинформатички проблеми				
Содржина	Со појавувањето на нови пресметковни предизвици за биолошките податоци, се јавува потребата за поефективни и поефикасни алгоритми кои ќе се справат со истите. Овој курс ќе нуди изучување на принципите за дизајн на алгоритми и преглед на постоечките алгоритми. Фокусот е поставен на процесот на дизајн на алгоритми, вклучувајќи проблеми, спецификации, алгоритми; ефикасност: временска и просторна комплексност; големо O нотација; фундаментални стратегии за дизајн: алчни алгоритми, подели и владеј, динамичко програмирање. Ќе се изучат најзначајните постоечки алгоритми во биоинформатиката, вклучувајќи алгоритми за точно поклопување на низи, суфикс дрва, порамнување на парови, алгоритми од динамичко програмирање; евристички алгоритми: Blast и FastA; алгоритми за статистичко порамнување: скриени Маркови модели; порамнување на повеќе секвенци: алгоритми и евристики; алгоритми поврзани со молекуларна структура: определување и предвидување на структура. Посебен осврт ќе биде даден на комплексноста и искористливоста на алгоритмите.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. Teofilo F. Gonzalez, "Handbook of Approximation Algorithms and Metaheuristics", Chapman & Hall/CRC, 1 edition, 2007 2. Steffen Schulze-Kremer, "Molecular Bioinformatics: Algorithms and Applications", Walter de Gruyter, 1995 3. Prosenjit Bose, Pat Morin, "Algorithms and Computation", Springer, 1 edition, 2002 				

Наставна дисциплина	Вовед во математички био-науки				
Семестар	Вид	Фонд на часови	Кредити	Јазик	Институт
IX	изборен	3+0+0+1	5	МК/АНГ	МФ
Предуслови					
Компетенции*	Студентот ќе биде оспособен за разбирање на некои од математичките методи кои се користат во био-науките.				
Содржина	Структура на клетки. Нервни клетки. Вовед во динамички системи и невронска динамика. Еднодимензионални равенки. Дводимензионални системи. Динамички модели во биологија. Поим за фрактал. Биолошка клеточна морфометрија – фрактална димензија. Фрактална анализа на биосигнали.				
Литература	<ol style="list-style-type: none"> 1. A. Borisyuk, G. B. Ermentrout, A. Friedman, D. H. Terman, <i>Tutorials in Mathematical Biosciences I: Mathematical Neuroscience</i>. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, 2005. 2. M. Farkas, <i>Dynamical models in Biology</i>. Elsevier Science & Technology Books, 2001. 3. G. Losa, T. Nonnenmacher, D. Merlini, E. R. Weibel, <i>Fractals in Biology and Medicine, Volume II</i>. Birkhäuser Verlag, 1998. 4. S. H. Strogatz, <i>Nonlinear dynamics and Chaos: Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering</i>. Perseus, 2001. 				

4. Наставен кадар

Кадар од ФИНКИ:

Р. број	Презиме и име	Подрачје на наставно – научна област
1	Проф. д-р Љупчо Коцарев	КТИ
2	Проф. д-р Сузана Лошковска	КТИ
3	Доц. д-р Дејан Ѓорѓевик	КТИ
5	Доц. д-р Владимир Трајковиќ	КТИ
6	Доц. д-р Андреа Кулаков	КТИ
7	Доц. д-р Слободан Калајџиски	КТИ

Кадар надвор од ФИНКИ:

Р. број	Презиме и име	Подрачје на наставно – научна област
1	Проф. д-р Марија Кујумџиева - Николоска	Математика – ФЕИТ
2	Доц. Д-р Катерина Санева Хаџивелкова	Математика – ФЕИТ
3	Доц. Д-р Елена Бабаче	Математика - ФЕИТ
4	Проф. д-р Данчо Давчев	УИТ - КТИ
5	Доц. д-р Сашо Панов	ПМФ - Биологија
6	Доц. д-р Митко Младенов	ПМФ - Биологија