

1.	Наслов на наставниот предмет	Структурна биоинформатика и протеомика Structural Bioinformatics and Proteomics		
2.	Код	БИ-И-01		
3.	Студиска програма	Биоинформатика		
4.	Организатор на студиската програма (единица, односно институт, катедра, оддел)	Факултет за информатички науки и компјутерско инженерство		
5.	Степен (прв, втор, трет циклус)	втор циклус		
6.	Академска година / семестар 5 / зимски / изборен	7. Број на ЕКТС кредити 6		
8.	Наставник	вонр. проф. д-р Слободан Калајциски, доц. д-р Кире Триводалиев		
9.	Предуслови за запишување на предметот			
10.	Цели на предметната програма (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. Студентот ќе биде запознаен со основните принципи на протеомиката и начините на одредување на функцијата на протеинот со користење на протеински интеракциски мрежи.			
11.	Содржина на предметната програма: Во функционирањето на организмите главна улога играат протеините. Познавањето на протеинската структура и начините на кои протеините влегуваат во интеракција 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. 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.			
12.	Методи на учење: Предавања поддржани со презентации преку слајдови, интерактивни предавања, вежби (користење на опрема и софтверски пакети), тимска работа, пример случаи, поканети гости предавачи, самостојна изработка и одбрана на проектна задача и семинарска работа, учење во електронско опкружување (форуми, консултации).			
13.	Вкупен расположив фонд на време	6 ECTS x 30 часа = 180 часа		
14.	Распределба на расположивото време	60 + 0 + 45 + 45 + 30 = 180 часа		
15.	Форми на наставните активности	15.1.	Предавања- теоретска настава	60 часови
		15.2.	Вежби (лабораториски, аудиториски), семинари, тимска работа	0 часови
16.	Други форми на активности	16.1.	Проектни задачи	45 часови

		16.2.	Самостојни задачи	45 часови
		16.3.	Домашно учење	30 часови
17.	Начин на оценување			
	17.1.	Тестови		15 бодови
	17.2.	Семинарска работа/ проект (презентација: писмена и усна)		70 бодови
	17.3.	Активности и учење		15 бодови
	17.4.	Завршен испит		100 бодови
18.	Критериуми за оценување (бодови/ оценка)		до 50 бода	5 (пет) (F)
			од 51 до 60 бода	6 (шест) (E)
			од 61 до 70 бода	7 (седум) (D)
			од 71 до 80 бода	8 (осум) (C)
			од 81 до 90 бода	9 (девет) (B)
			од 91 до 100 бода	10 (десет) (A)
19.	Услов за потпис и полагање на завршен испит		реализирани активности 15	
20.	Јазик на кој се изведува наставата		македонски и англиски	
21.	Метод на следење на квалитетот на наставата		механизам на интерна евалуација и анкети	
22.	Литература			
	22.1.	Задолжителна литература		
		Ред.бр.	Автор	Наслов
		1	Philip E. Bourne, Helge Weissig	Structural Bioinformatics
		2	David Whithford	Proteins: Structure and Function
		3	Richard Twyman	Principles of Proteomics 2nd Edition
		4	Aidong Zhang	Protein Interaction Networks: Computational Analysis
	22.2.	Дополнителна литература		
		Ред. број	Автор	Наслов
				Издавач
				Година