



Вовед во биоинформатика

Лабораториски вежби 2

Истражувања и проекти
направени во рамките на предметот
Вовед во биоинформатика

Анимации

- Правење на интерактивни анимации од едукативен карактер.
- Симулација на регулација на процеси во молекуларна генетика.
- Сите симулации се **пионери** за дадениот проблем, без јавно достапни претходници!

Истражувања

- Оспособување на студентите за самостојни истражувања.
- Градење на алатки за обработка на податоци од биолошки бази на податоци.
- Користење на готови алатки за извлекување на знаење од биолошки бази на податоци.
- Градење модели врз основа на статистички методи.
- Проширување на доменот на биоинформатика кон сродни дисциплини (хемоинформатика).

Изработени анимации

Проект: Регулација на оперонот Rbs во e.Coli

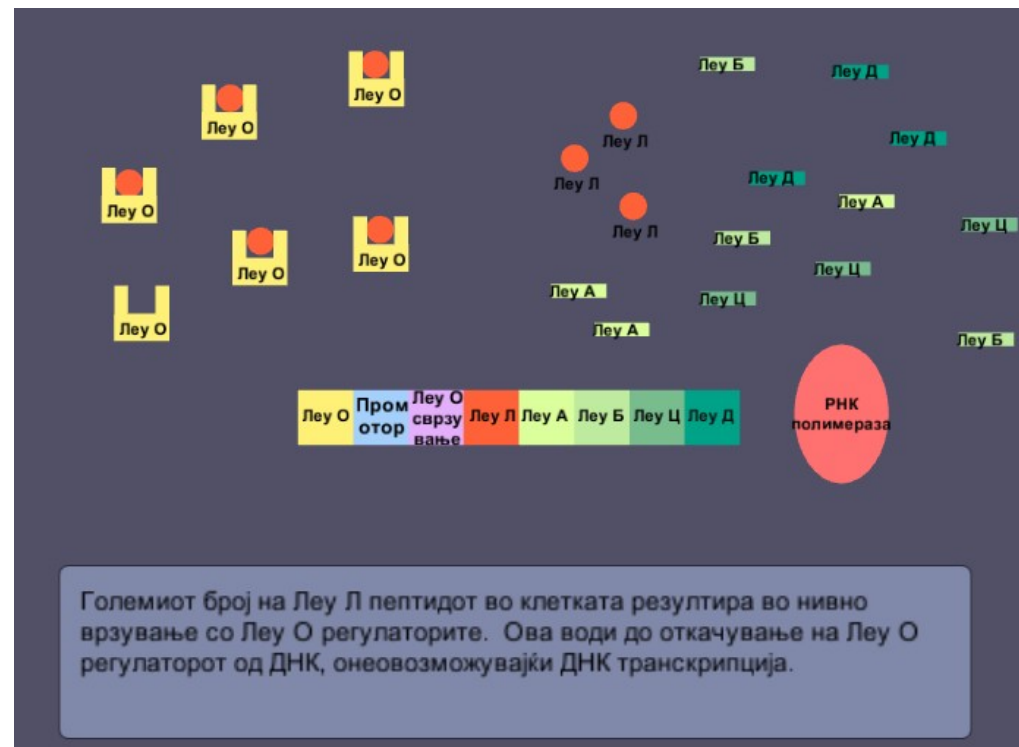
Изработиле: Кристијан Петровски, Стефан Стојковски,
Деспина Ристова



Изработени анимации

Проект: Регулација на оперонот Leu во e.Coli

Изработиле: Марио Ампов, Ирена Љубиќ



Изработени анимации

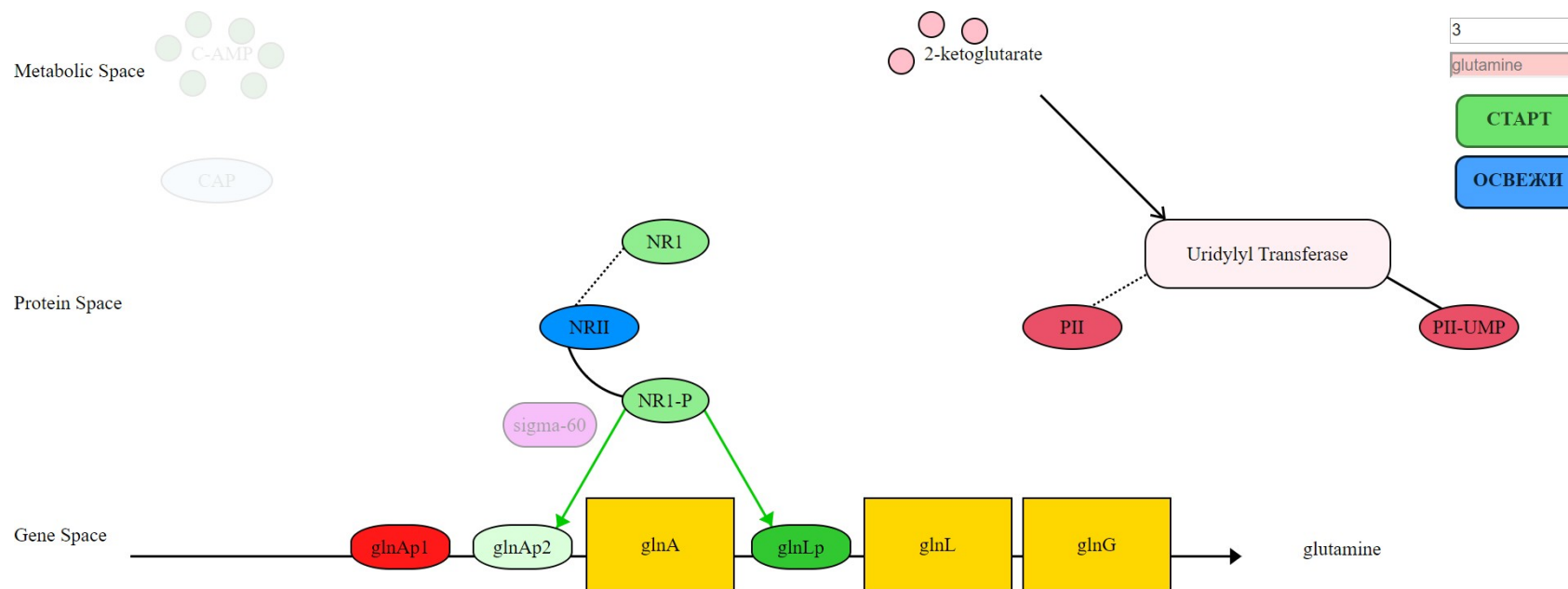
Регулација на оперонот Lux во e.Coli

Изработиле: Филип Димитриески, Дана Стефановска, Елени
Мицковска

Изработени анимации

Синтетаза на Glutamine во E.coli

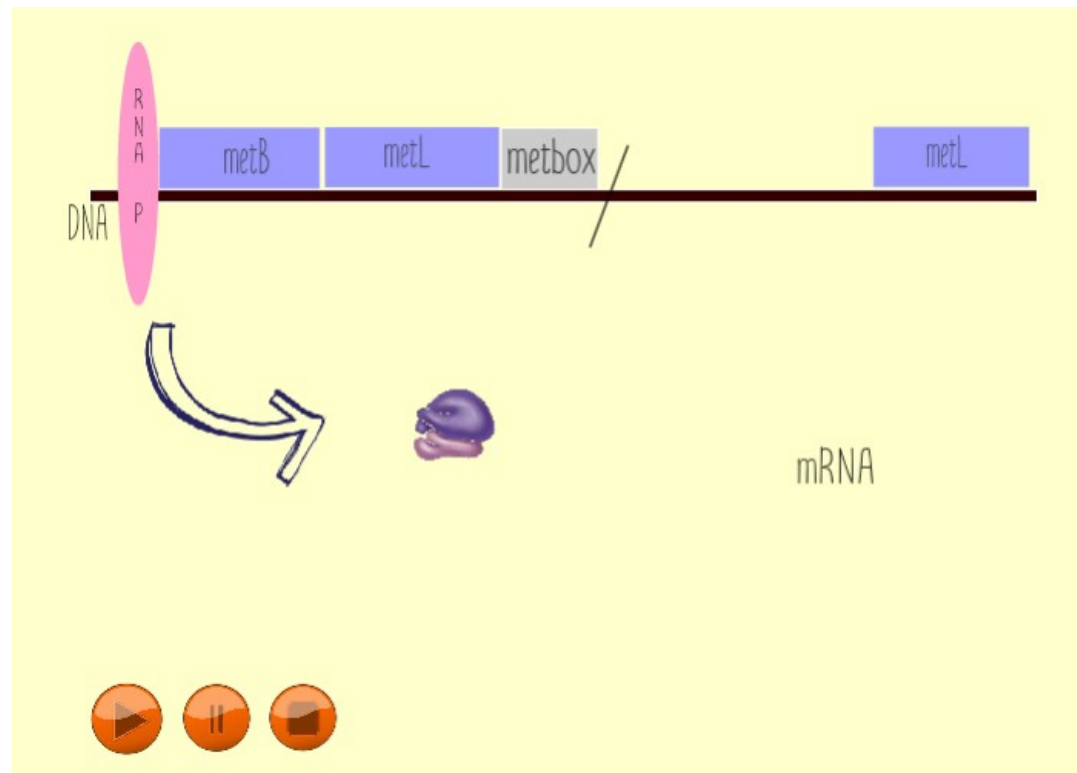
Изработиле: Емилија Димовска, Виктор Панчевски, Јован Андонов



Изработени анимации

Биосинтеза на Methionine во E.coli

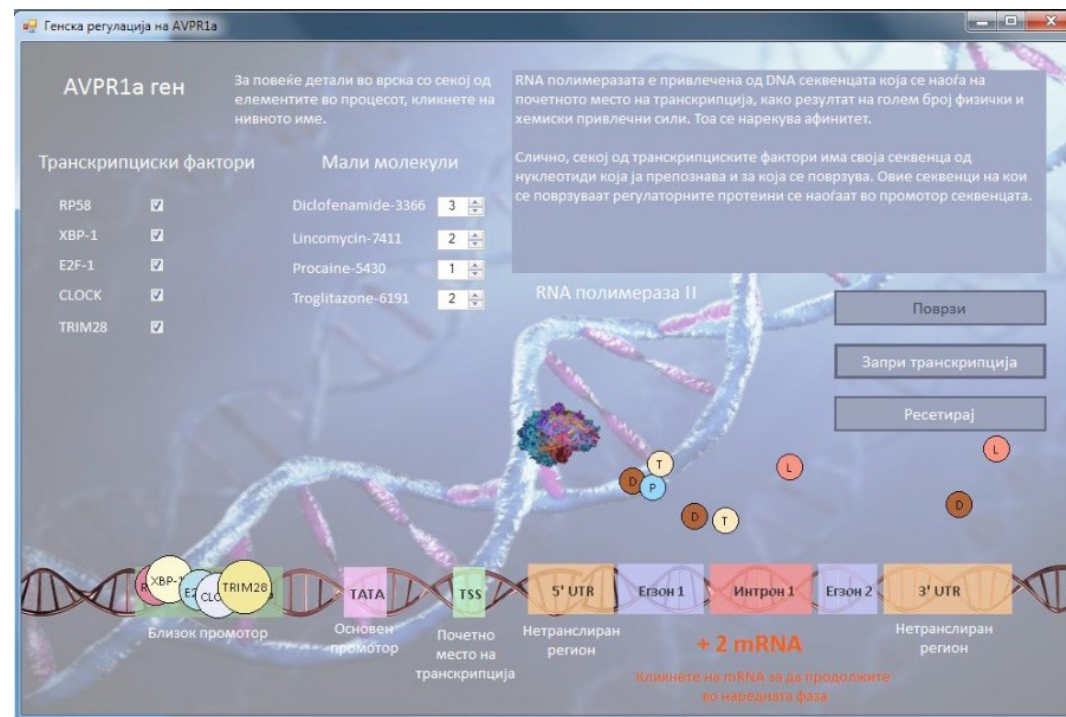
Изработиле: Фросина Ангелеска, Моника Динева



Изработени анимации

Проект: Регулација на генската експресија на AVPR1a

Изработиле: Виктор Јаневски (EPFL), Елена Димитриова,
Огнен Беќаровски



Изработени анимации

Проект: Pocket протеини и нивната улога во клеточната пролиферација

Изработиле: Ивана Коцева, Ангела Маџирова

Pocket протеини и нивната улога во клеточна пролиферација

Pocket протеини:

1.pRB

2.p130

3.p107



- * Се сврзуваат за E2F транскрипциски фактори.
- *Превентираат рана генска транскрипција.
- *Регулираат напредот на клеточниот циклус.
- *Доколку мутираните клетки неконтролирано се делат тоа ќе резултира во развој на рак.



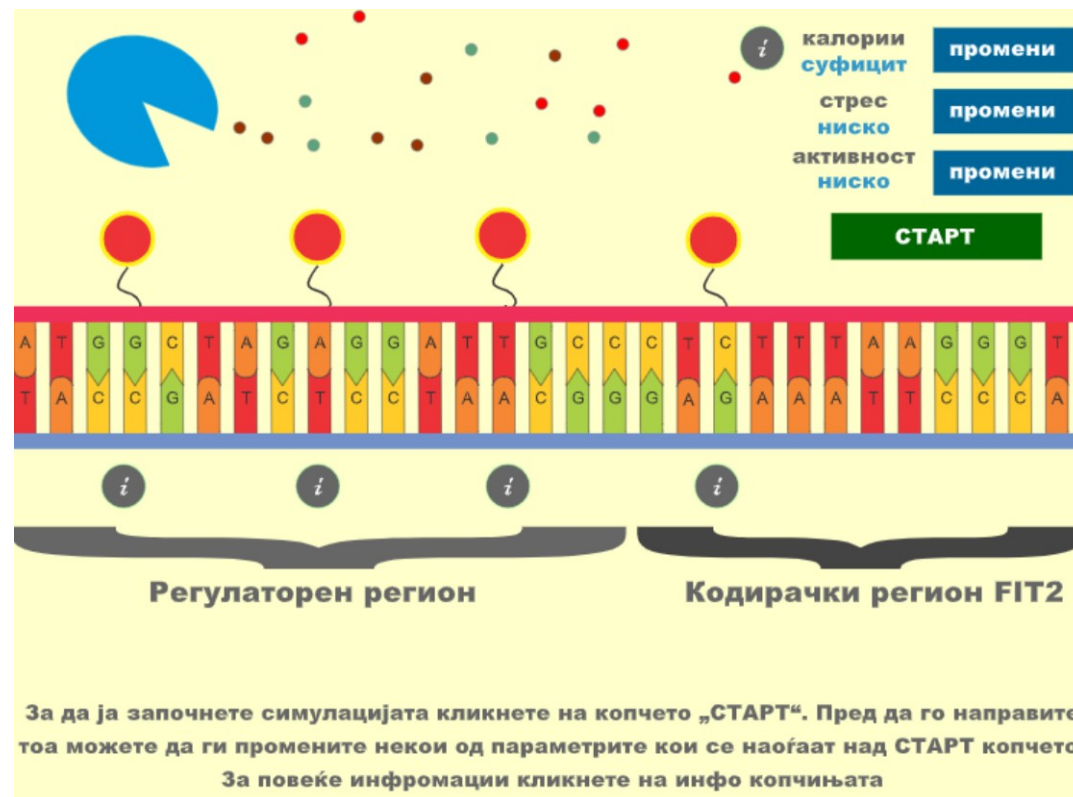
Вратете се назад и разгледајте ги анимациите за како ова функционира.

НАЗАД

Изработени анимации

Проект: Регулација на експресија на генот FIT2

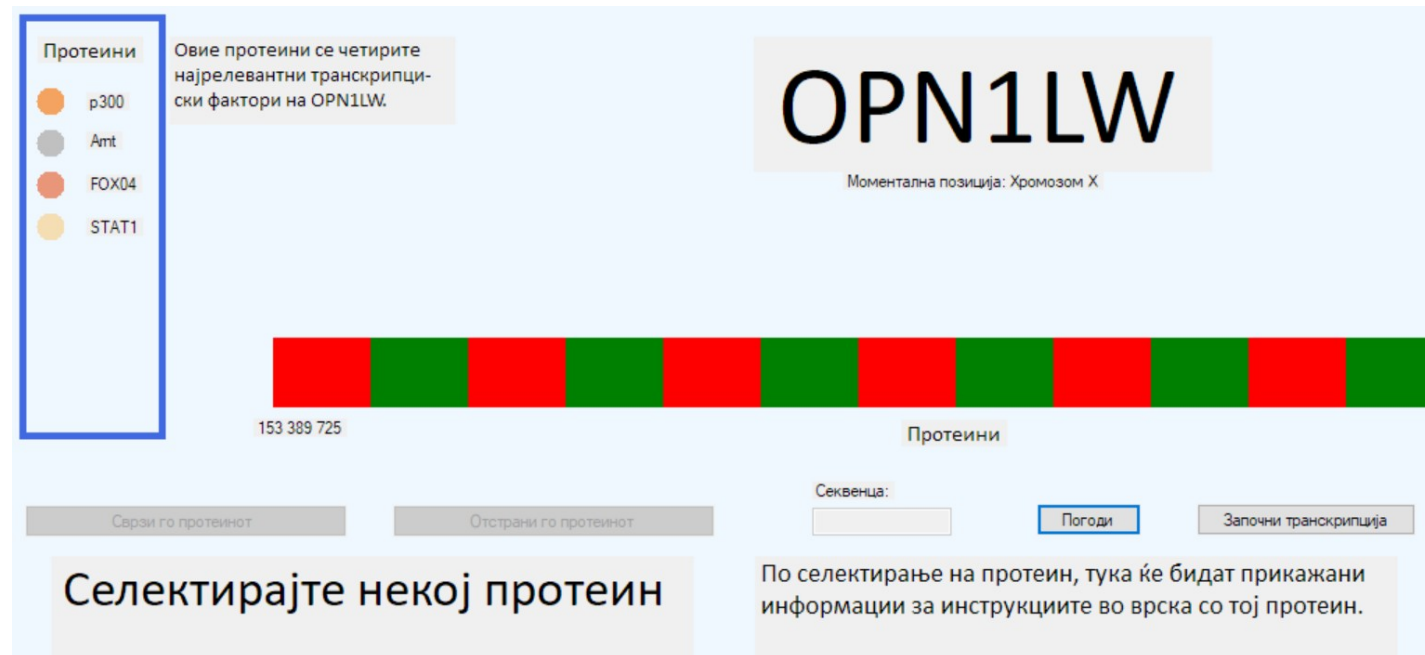
Изработиле: Ивона Најденкоска, Бојан Петровски



Изработени анимации

Проект: Опсин осетлив на црвена светлина –
транскрипциски фактори на OPN1LW

Изработиле: Никола Петрушевски, Стефан Митревски,
Антонија Димоска



Истражувачки проекти

- Класификација на канцерогени колоректални ткива
 - За дадени **генски експресии** од здрави ткива и канцерогени ткива, изработен е класификатор кој успешно ќе разликува и класифицира канцерогени од здрави ткива.
 - Постапката опфаќа:
 - Форматирање на податоците
 - Избор на софтвер за анализа
 - Избор на атрибути
 - Тренирање на класификатори
 - Тестирање
 - Споредба со други трудови

Резултати од истражувачки проекти

Класификација на бениген колоректален канцер

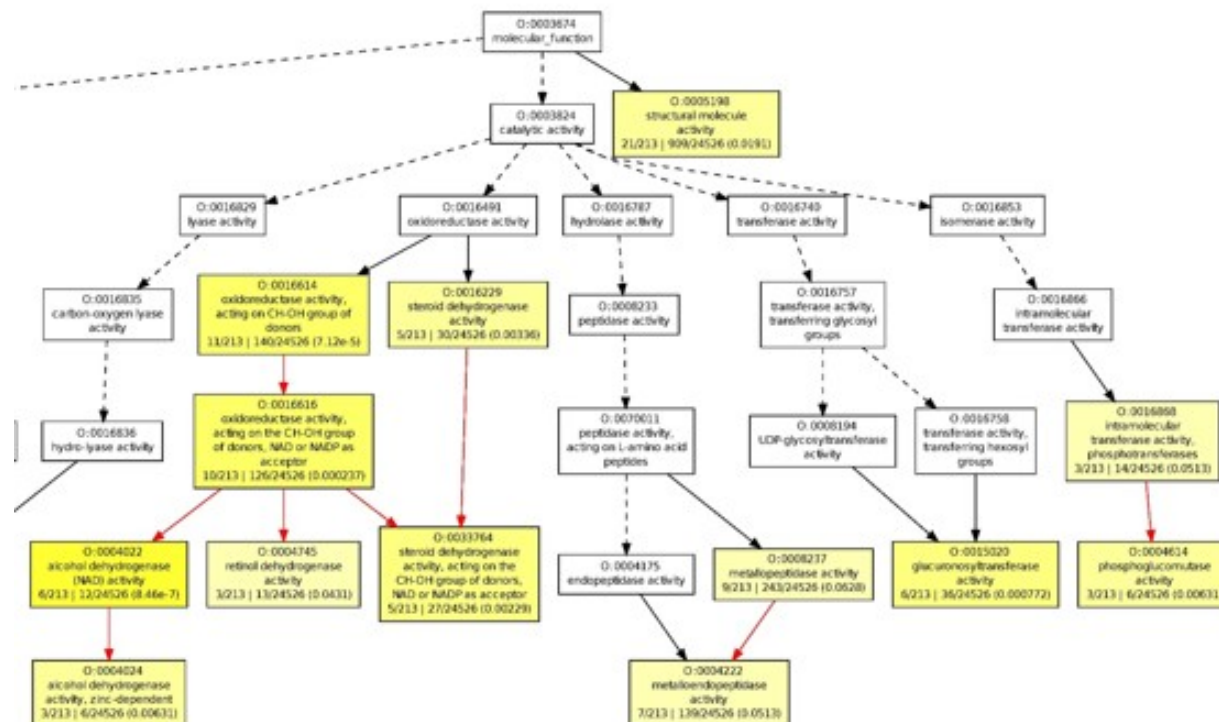
Резултати – точност 98%

Споредба

Автор	Година	Референца	Класификатор	Резултат (%)
Amir Ben-Dor	2000	[1]	K - Nearest Neighbor	80.6
			SVM	77.4
			Boosting	72.6
Sandrine Dudoit	2005	[2]	K - Nearest Neighbor	83.0
Sung Bae Cho	2003	[3]	SVM	66.4
			K - Nearest Neighbor	77.4
Kyung-Joong Kim	2004	[4]	Neural Networks	71.0
			SVM	71.0
			K - Nearest Neighbor	81.0
Terrence Furay	2000	[5]	SVM	90.3

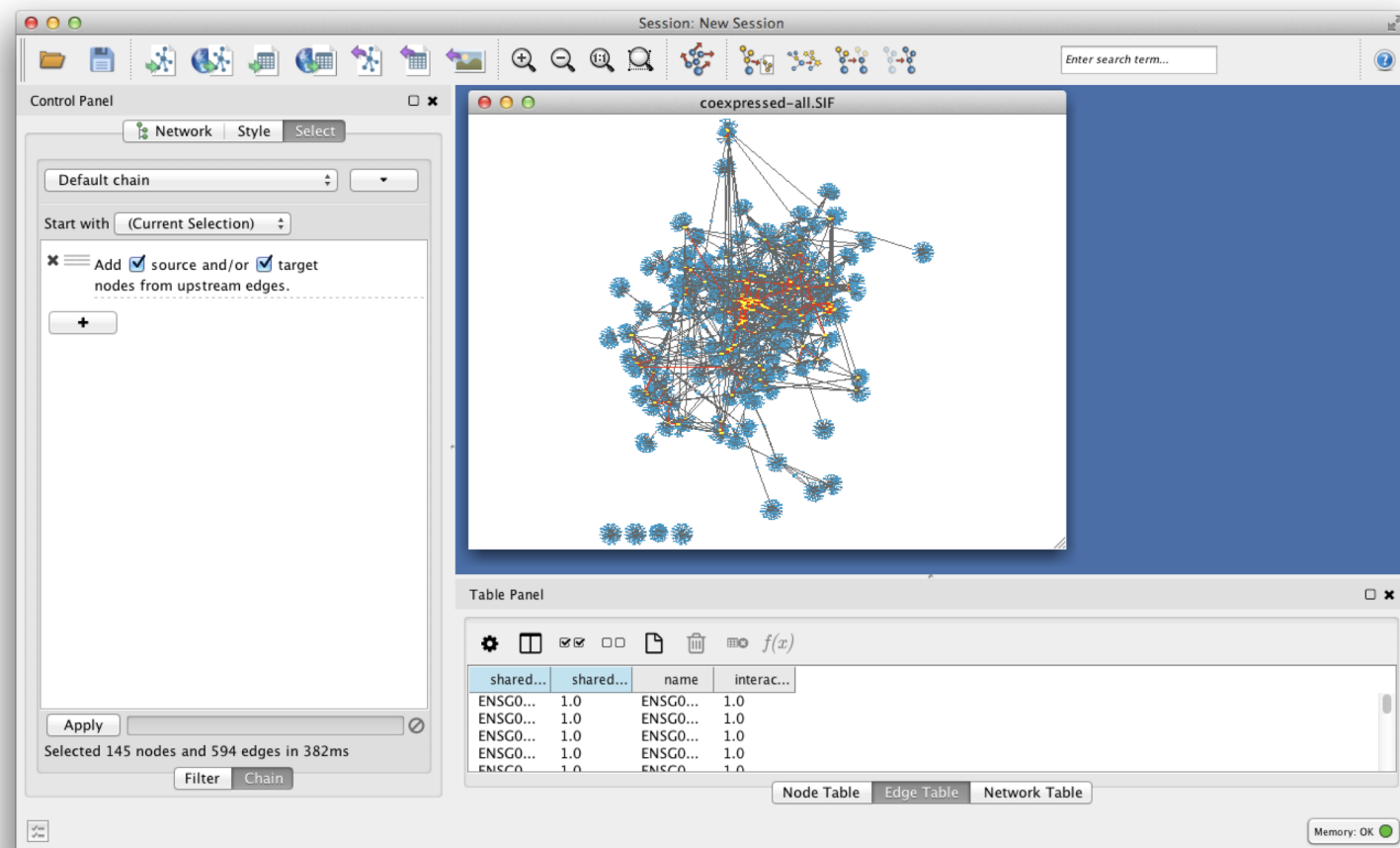
Резултати од истражувачки проекти

Направени се онтолошки анализи на дадено множество биомаркери со употреба на готови веб базирани алатки.



Резултати од истражувачки проекти

Анализа на коекспресирани гени со помош на графови.



Резултати од истражувачки проекти

Предмет на истражување се збогатените функции и процеси, за кои ќе се истражи нивната поврзаност со колоректален канцер.

	Ген	Видови на канцер
1.	COL11A1	Colorectal cancer Breast cancer
2.	DPEP1	Colorectal cancer Breast cancer
3.	UGT1A10	Colorectal cancer

Се дефинира потпис на гени според кој се врши класификација на различни типови на канцер кои метастазирале од колоректален канцер како примарен тумор.

Истражувачки проекти

Проект: Употреба на Gibbs Sampling за наоѓање мотиви во DNA

Изработиле:

Симона Златанова

Дионис Динишев

Истражувачки проекти

- Проект: Предвидување на потклеточна локализација кај протеини
 - Во кој дел од клетката е транспортиран даден протеин, ако е дадена аминокиселинската секвенца на протеинот.
- Изработиле: Ана Бошковска, Љубомир Игнов, Миле Каранфилов, Иван Кичуков, Љубица Коцева, Симона Стаменкова

Истражувачки проекти

Проект: Предвидување на секундарна структура на протеин
Според која се одредува функцијата на протеинот

Изработиле:

Дајана Илиева

Ана Костовска

Давид Захков

Филип Стефановски

Истражувачки проекти

- Проект: Препознавање места на спојување
- Изработиле:
 - Мартин Миленкоски
 - Мартин Јосифоски
 - Благој Митревски
 - Кристина Попова
 - Ева Петреска

Истражувачки проекти

Проект: Експресија на гени кај колоректален карцином и класификација на стадиум на колоректален карцином

Презентиран на конференцијата **СИТ 2018**

Изработиле:

Фросина Стојановска

Викторија Велиновска

Истражувачки проекти

Проект: Опис и примери за работата на Quantitative Structure Activity Relationship analysis (QSAR)

Изработиле:

Јован Крајевски

Харис Мандал

Марко Смилевски

Истражувачки проекти

- Проект: Детекција на аутизам со техники на DSP
- **Data-driven Autism Biomarkers Selection by using Signal Processing and Machine Learning Techniques**
 - Презентиран на конференцијата BIOINFORMATICS 2019
- Изработиле
 - Антонио Антоvски
 - Стефани Костадиновска
 - Моника Симјаноска
 - Томе Ефтимов
 - Невена Ацковска
 - Ана Мадевска Богданова

Истражувачки проекти

Проект: “Deep statistical comparison” како алатка за решавање на проблеми во биоинформатика.

Изработиле

Горјан Бужаровски

Ферид Мемед

Богдан Симовски

Никола Томиќ

Истражувачки проекти

Проект: Примена на Фуријеви трансформации на генски експресији за подобрување на класификација на здраво ткиво и ткиво заболено од колоректален карцином.

Изработиле

Дамјан Нешовски

Ана Давиткова

Стефанија Бошковска

Мартина Папалиска

Ненад Трајковиќ

Истражувачки проекти

Проект: Предвидување на молекуларна маса на соединенија со користење на јоните и нивниот интензитет добиени со техниката на масена спектрометрија.

Изработиле

Теодора Герасимовска

Иван Стоичков

Истражувачки проекти

Следбеник: MSL-ST: Development of Mass Spectral Library Search Tool to Enhance Compound Identification.

BIOINFORMATICS 2021

Изработиле

Теодора Герасимовска, Милка Љончева,
Моника Симјаноска

Истражувачки проекти

Проект: Микробиом и новиот пребарувач
наречен Bitsliced Genomic Signature Index
(BIGSI).

Изработиле

Христина Копривњак

Истражувачки проекти

Проект: Tara Ocean: експедиција и база на податоци.

Изработиле

Виктор Домазетоски

Андреј Јанчевски

Лидија Јовановска

Соња Митиќ

Истражувачки проекти

Проект: Нов алгоритам за идентификација на влијанијата на животниот стил врз релацијата генотип-фенотип кај човекот.

Изработиле

Горјан Поповски

Александар Трајковски

Бојан Евкоски

Истражувачки проекти

Проект: GARFIELD: Нов пристап за анализа на функционалните последици од генетските промени асоцирани со специфична болест.

Изработиле

Дарко Ефтимов

Истражувачки проекти

Проект: Секвенционирање од следната генерација:
Технологија, методологија и анализа на податоци.

Изработиле

Ева Георгиева

Стефан Ристески

Истражувачки проекти

Проект: microRNA и нејзината улога во регулација на генската експресија.

Изработиле

Елена Папазова

Ана Стојаноска

Никола Тошев

Истражувачки проекти

Проект: **Finding Potential Inhibitors of COVID-19**

BIOINFORMATICS 2021

Изработиле

Ангела Кралевска

Марија Величковска

Томе Ефтимов

Моника Симјаноска

Истражувачки проекти

**Проект: Таргетирање и предвидување на цитокинска бура
како еден од најсмртоносните симптоми на COVID-19**

Изработила

Поликсена Тунтева

Истражувачки проекти

- **Проект: COVID-19 mRNA vaccine degradation prediction**

- Изработиле:
- Викторија Водиловска
- Стефан Ананиев

Истражувачки проекти

- Проект: Предвидување нови мутации на Ковид-19 со користење на техники од областа на Обработка на природни јазици
- Изработила:
- Марија Цветаноска

Истражувачки проекти

- Предвидување на молекуларни карактеристики со граф невронски мрежи
- изработила
- Викторија Водиловска
- Молекулите се совршен кандидат за репрезентација со граф структури. Налик на класичната претстава која ја имаме за нив, секој атом би бил еден јазел, а нивните интеракции можат да се опишат со ребрата. Оваа студија ја истражува имплементацијата на граф невронски мрежи и механизми со внимание во проблеми од биохемија. При тоа, цели да развие модел кој ќе генерира практични молекуларни репрезентации со кои може да предвиди различни молекуларни карактеристики. Изградените модели се евалуирани на задачата за предвидување на пробивањето на крвно-мозочната бариера, што е многу клучен проблем во развојот на невролошките лекови. Овој пристап потенцијално може да го направи развојот и истражувањето на фармацевтските производи побрзо, поефективно и подостапно.