

**РЕПУБЛИКА СРПСКА**

**ВЛАДА**

МИНИСТАРСТВО ЗА НАУЧНОТЕХНОЛОШКИ РАЗВОЈ И ВИСОКО ОБРАЗОВАЊЕ

Трг Републике Српске 1, Бања Лука; Тел: 051/338–731; факс: 051/338-856;

[www.vladars.rs](http://www.vladars.rs/); е-mail: mnv@mnv.vladars.rs

**ПРИЛОГ 2.**

**КОНКУРС ЗА СУФИНАНСИРАЊЕ НАУЧНОИСТРАЖИВАЧКИХ ПРОЈЕКАТА**

**ОБРАЗАЦ ПРОЈЕКТНОГ ПРИЈЕДЛОГА**

**Попуњава подносилац захтјева**

1. **ОПШТИ ПОДАЦИ**

|  |  |
| --- | --- |
| **Назив пројекта:** | **Анализа биолошких мрежа методама машинског учења** |
| **Име и презиме координатора пројекта:** | **доц. др Милана Грбић** |
| **Институција носилац истраживања:**  (пун назив и сједиште) | **Природно – математички факултет, Универзитет у Бањој Луци** |

**2. ПОДАЦИ О ПРОЈЕКТУ**

|  |
| --- |
| **Област истраживања којој припада пројекат:**   **Природне науке**   Инжењерство и технологија   Медицинске и здравствене науке   Пољопривредне науке   Друштвене науке  Хуманистичке науке |
| **Врста истраживања:**   **Основна**   **Примијењена**   Развојна   **Мултидисциплинарна** |
| **Шифра научног поља истраживања** (Правилник о научним и умјетничким областима, пољима и ужим областима „Службени гласник РС“, бр. 22/09 и 27/10):   1.1.0Математика   **1.2.0 Рачунарске и информационе науке**   1.3.0 Физичке науке   1.4.0 Хемијске науке   1.5.0 Наука о Земљи и повезане науке о животној средини   1.6.0 Биолошке науке   1.7.0 Остале природне науке   2.1.0 Грађевинарство и архитектура   2.2.0 Електротехника, електроника и информационо инжењерство   2.3.0 Машинско инжењерство   2.4.0 Хемијско инжењерство   2.5.0 Материјали   2.6.0 Медицинско инжењерство   2.7.0 Инжењерство животне средине   2.8.0 Биотехнологија животне средине   2.9.0 Индустријска биотехнологија   2.10.0 Нанотехнологија   2.11.0 Остала инжењерства и технологије   3.1.0 Основна медицина   3.2.0 Клиничка медицина   3.3.0 Здравствене науке   3.4.0 Медицинска биотехнологија   3.5.0 Остале медицинске науке   4.1.0 Пољопривредне биљне науке, шумарство и рибарство   4.2.0 Наука о животињама и млијеку   4.3.0 Ветеринарска наука   4.4.0 Пољопривредна биотехнологија   4.5.0 Остале пољопривредне науке   5.1.0 Психологија   5.2.0 Економија и пословање   5.3.0 Педагошке науке   5.4.0 Социологија   5.5.0 Право   5.6.0 Политичке науке   5.7.0 Друштвено економска географија   5.8.0 Медији и комуникације   5.9.0 Остале друштвене науке   6.1.0 Историја и археологија   6.2.0 Језици и књижевност   6.3.0 Филозофија, етика и религија   6.4.0 Умјетност (умјетност, историја умјетности, умјетност извођења, музика)   6.5.0 Остале хуманистичке науке |
| **Шифра друштвено економског циља истраживања** (заокружити):   **13.1 ИР у области природних наука**   13.2 ИР у области инжењерства и технологије   13.3 ИР у области медицинских и здравствених наука   13.4 ИР у области пољопривредних наука   13.5 ИР у области друштвених наука   13.6 ИР у области хуманистичких наука |

**3. ОПИС ПРОЈЕКТА ЗА КОЈА СЕ ТРАЖЕ СРЕДСТВА ГРАНТА**

*У овој секцији образложите пројектне циљеве и начин на који желите да их постигнете, а обавезно наведите сљедеће елементе:*

1. *Опишите позадину приједлога пројекта у смислу тренутног стања у одређеној научној области, односно празнине у литератури које ће бити попуњене вашим доприносом – користите харвардски стил цитирања „(Аутор, година издања)“, а на крају ове секције наведите коришћену библиографију;*
2. *Детаљно опишите научну методологију коју ћете користити у реализацији пројектних активности (дефиницију једног или два метода и зашто их користите);*
3. *Дефинишите хипотезе које ћете разрадити током пројекта.*

|  |
| --- |
| **Увод**  Биоинформатика и рачунарска биологија представљају важне дисциплине у савременим истраживањима. Ове области интегришу биологију са рачунарским наукама како би омогућиле ефикасно анализирање, интерпретацију и манипулацију биолошких података. Значај биоинформатике и рачунарске биологије произилази из њихове способности да брзо и ефикасно обраде велике количине различитих биолошких података и да као резултат предоче нове информације које могу помоћи лакшем разумијевању сложених биолошких структура и процеса. Прецизније, један од основних задатака биоинформатике јесте да предложи и примијени методе које ће на основу постојећих различитих података открити нове, тренутно непознате, а потенцијално корисне информације. Изведени закључци, засновани на резултатима рачунарских метода се даље примјењују у медицини, фармакологији, биофизици и другим важним гранама животних наука (енг. life sciences).  За откривање нових информација итекако су важнe одговарајуће структуре и модели. Тако је и дoшло до увођења концепта биолошких мрежа, које су се показале као врло моћан механизам за лакше и компактније сагледавање биолошких ентитета и односа између њих (Zhu, et al., 2007). Биолошке мреже се могу посматрати као математичка структура графа, гдје су чворови биолошки елеменати, попут гена, протеина, и метаболита, док гране носе информацију о односима између ових елемената (Alon, 2003). Овако конципиране мреже олакшавају разумијевање сложених система и омогућавају анализу динамике и функција биолошких компоненти.  Проблеми везани за биолошке мреже постају све очигледнији како се истраживачи суочавају са све већим обимом биолошких података и сложеношћу биолошких система. Неки од кључних изазова и проблема који се често појављују у литератури су:   * Недостатак комплетности података: Биолошке мреже зависе од тачних и потпуних података о интеракцијама између биолошких ентитета. Међутим, експериментална истраживања нису у потпуности поуздана, те се често јавља ситуација да одређена количина података недостаје, а постојећи подаци могу бити непотпуни или застарјели (Kondratyeva, et al., 2022). * Хетерогеност података: Биолошки подаци долазе из различитих извора и метода, што често резултује хетерогеношћу података. Интеграција података из различитих извора је врло изазовна, а различите методе мјерења интеракција могу произвести податке са различитим степеном прецизности (Kondratyeva, et al., 2022). * Динамика биолошких система: Биолошки системи су динамични, а структура биолошке мреже зависи од тренутка када се она посматра. Моделовање динамике често захтијева сложеније алгоритме и ресурсе, а динамички аспекти често нису довољно узети у обзир (Bianchi, et al., 2019). * Прецизност предикција и алгоритама: Ефикасност алгоритама за предвиђање интеракција у биолошким мрежама може варирати у зависности од различитих фактора. Питања прецизности и поузданости предикција често су изазовна, посебно у контексту великих биолошких система (Baldii, et al., 2000). * Разумијевање сложености мрежа: Биолошке мреже су често изузетно комплексне, а разумијевање глобалних својстава и хијерархија у овим мрежама представља изазов. Ова комплексност може отежати идентификацију кључних чворова или путева у мрежи (Alcalá-Corona, et al., 2021; Grbić, et al.,2019; Jaguzović, et al.,2023).   Ови изазови указују на потребу за даљим истраживањем и развојем метода за анализу биолошких мрежа, како бисмо боље разумијели функције биолошких система и примијенили ове информације у одговарајућим областима.  **Методологија**  Ако се билошке мреже посматрају као математичке структуре – графови, онда се одговарајући проблеми дефинисани над биолошким мрежама могу превести у еквивалентне математичке проблеме, за чије је рјешавање потребно развити ефикасне рачунарске методе.  Методологија у овом пројекту се може посматрати са неколико аспекта.  Аспект 1: прикупљање и интеграција различитих података о биолошким мрежама. За инеграцију података о биолошким мрежама из различитих извора, користиће се алати за мапирање биолошких ознака, ресурси (који ресурси цитирати??) за одређивање додатних информација о елементима биолошке мреже (чворовима), као и алати (побројати који??) за одређивање додатних информација о везама између елемената биолошке мреже.  Аспект 2: Класификација и кластеровање: подразумијева примјену рачунарских метода заснованих на методама надгледаноg (енг. supervised) и ненадгледаног (енг. unsupervised) машинскоg учењa, као и егзактних и хеуристичких метода комбинаторне оптимизације за рјешавање NP тешких проблема.  Аспект 3: одређивања важних локалних тополошких карактеристика мрежа. За проблеме одређивања важних локалних тополошких карактеристика графа анализираће се постојеће мјере и приступи из литературе, у циљу проналаска и дефинисања неке нове мјере и приступа. Као резултат таквог истраживања може се доћи и до нових теоријских резултата из теорије графова.  Аспект 4: тумачење, валидација и визуелизација добијених резултата. Сви добијени резултати ће се тумачити са одговарајућег биоинформатичког аспекта, у складу са врстом биолошке мреже и употребом одговарајућих алата за обогаћивање информацијама.  **Хипотезе**  **Хипотеза 1**  **Локалне особине мреже**  Локалне особине мреже, попут важних/централних/утицајних чворова, њихових најближих сусједа и компоненти повезаности, могу бити добра полазна основа за боље разумијевање комплетног система.  Важни чворови у биолошким мрежама играју кључну улогу у одржавању стабилности, функционалности и динамике тих мрежа. Ови чворови често представљају кључне биолошке ентитете или чиниоце који имају значајан утицај на биолошке процесе. Ево неколико типова важних чворова у биолошким мрежама:   * Чворови са високим степеном: Чворови са високим степеном повезаности (хубови) често су централни у мрежи, јер су повезани са великим бројем других чворова (Golbeck, 2015). Они играју кључну улогу у преносу информација и одржавању комуникације између различитих дијелова система (Pavlopoulos, et al., 2011). * Чворови са високим степеном међу-централности: Ови чворови повезују различите дијелове мреже, чинећи их важним за интегрисање информација (Brandes, 2008). Чвор са високом вриједношћу међу-централности лежи на многим најкраћим путевима у датом графу (Golbeck, 2015; Pavlopoulos, et al., 2011). * Чворови са високом централношћу близине: Чворови који су физички блиски многим другим чворовима могу играти важну улогу у просторној организацији биолошких система, као и у брзом преносу сигнала или информације (Pavlopoulos, et al., 2011). * Чворови са кључним улогама у сигналним путевима: Молекули који се налазе на кључним тачкама сигналних путева, попут ензима или рецептора, представљају важне чворове. Промјене у овим чворовима могу имати значајан утицај на регулацију биолошких процеса (Taniguchi, et al., 2006). * Чворови са кључним генетским информацијама: Гени који кодирају за протеине од суштинског су значаја за биолошке мреже. Промјене у овим чворовима могу имати дубок утицај на функционалност организма (Barabási, et al., 2011).   Из наведеног се може закључити да је за идентификацију важних/централних/утицајних чворова у мрежи потребно разматрати и тополошке карактеристике чвора (висок степен, висок степен међу-централности, висок степен централности близине), као и биолошке информације (чвор са улогом у сигналном путу, чвор који носи генетску инфромацију). Стога се поставља хипотеза да је оправдано анализирати дате карактеристике и предожити карактеристику која би објединила ове информације, што ће бити и један од циљева истраживања овог пројекта.  Идентификација и правилно разумијевање улоге важних чворова у биолошким мрежама омогућава истраживачима да боље разумију кључне тачке регулације, осјетљивост система на промјене и потенцијалне мете за интервенције. Ови чворови могу да чине основу за истраживање сложености биолошких система на молекуларном нивоу.  Поред идентификације важних чворова, важно је анализирати и њихова најближа сусједства, односно да ли чешће имају везу са другим важним чворовима или са чворовима мреже који нису идетификовани као важни. Овакве анализе могу довести до нових откирћа која ће помоћи у лакшој идентификацији и опису важних чворишта (хабова) мреже.  Такође, при анализи локалних карактеристика биолошких мрежа важно је идентификовати подмреже са одређеним својствима: густо повезане подмреже, подмреже индуковане важним чворовима, и сл.  Проблем идетификације компоненти графа, односно подмрежа дате мреже, са одређеним ограничењима је најчешће NP тежак проблем. Информације о подмрежама у некој великој биолошкој мрежи се могу даље користи за упоређивање биолошких мрежа, као и за мјерење сличности великих биолошких мрежа.  На основу свега наведеног, први корак у анализи биолошких мрежа, кроз овај пројектни приједлог, ће бити опис локалних особина мреже: идентификација важних чворова, анализа њихове околине у мрежи, као и идентификација и анализа подрђених подмрежа дате мреже.  **Хипотеза 2**  **Скупови доминатних чворова у мрежи**  Веза између проблема доминације, римске доминације и биолошких мрежа на први поглед можда делује необично, али аналогија се може повући кроз призму доминације у различитим контекстима.  У контексту проблема доминације, циљ је одредити најмањи скупа елемената у графу који покрива све остале. Односно, нека је дат граф са скупом чворова и скупом грана , скуп чворова се сматра доминцијским скупом графа , ако је сваки чвор је сусједан са бар једним чвором из скупа (Cockayne, 1978).  У литератури постоје многе варијанте проблема доминације, од којих је проблем Римске доминације (енг. Roman domination problem) интензивно изучаван, и са теоријског и са практичног аспекта (Chellali, et al., 2020; Cockayne, et al., 2004). Проблем се односи на оптимално додјељивања вриједности {0, 1, 2} чворовима графа, уз услов да сваки „*слаб* “чвор, тј. чвор означен са 0, мора да има најмање једног сусједа који је означен са 2, односно који је способан да га заштити у случај напада.  Повезаност наведених проблема и биолошких мрежа огледа се у сличности концепта доминације једног елемента (чвора) у односу на његове сусједе. У биолошким мрежама, одређени ентитети, попут кључних гена или протеина, играју кључну улогу у одржавању функционалности система. Идентификација доминирајућих елемената у биолошким мрежама може открити кључне тачке контроле у биолошким процесима, аналогно томе како доминација у графу открива кључне тачке покривања. У литератури је већ разматрана веза између доминацијског скупа и важних чворова биолошких мрежа (Milenković, 2011). Хипотеза која се поставља у истраживању овог пројекта јесте разматрање везе између различитих проблема римске доминације (Chellali, et al., 2020; Cockayne, et al., 2004; Kammerling, et al., 2009; Álvarez-Ruiz, et al., 2017) и одређених скупова биолошких елемената. На примјер, ако се за биолошку мрежу узме мрежа проетинских интеракција, онда би било интересантно размотрити везу између добијених доминацијских скупова (по различитим варијантама) те мреже и познатих протеинских комплекса, скуповима протеина са неуређеном структуром и сл.  Тако добијени резултати, тумачени на одговарајући начин са биолошког аспекта, би пружили дубљи увид у концепт доминације кроз различите примјене, истовремено наглашавајући значај одређених елемената у одржавању равнотеже и стабилности система.  **Хипотеза 3**  **Одређивање кључних путања у биолошким мрежама**  Поред идентификације важних чворова у мрежи, за анализу биолошких мрежа важно је постојање и ефикасног алата за откривање кључних путања (енг pathways). Оријентација грана у биолошким мрежама има кључну улогу у разумијевању и моделовању сложених биолошких система. Ова карактеристика доноси додатне информације о међусобним интеракцијама између биолошких ентитета, попут гена, протеина или метаболита. Једна класа ових проблема је у блиској вези са математичким проблемом одређивања усмјерења грана у неусмјереном графу. Формулација проблема у тежинској мрежи протеинских интеракција је дата у раду (Gitter, et al., 2011). У истом раду је показано да је уведени проблем NP тежак, те је предложен ROLS (енг. random orientation plus local search algorithm) модел за рјешавање. За рјешавање овог проблема је у литератури су познати још SOGA (енг. single objective genetic algorithm) модел (Nguyen, et al., 2015) и MOGA (енг. multi objective genetic algorithm) модел (Anh, 2014), оба базирана на генетском алгоритму. Тренутo „*state-of-the-art*“ рјешење је такође верзија генетског алгоритма (Iqbal, et al., 2020). Хипотеза истраживања овог пројекта јесте да би се могло понуди ефикасније рјешење добијено (мета)хеуристичким методама, а да добијени резултати буду добра полазна основа за даље биоинформатичка истраживања попут резултата у (Inostroza, et al., 2019). При томе, резултати о локалним својствима мреже и доминантним чворовима могу бити употребљени при откривању важних путања у мрежи. |

**3.1. Библиографија радова искључиво везаних за тему пројекта (литература која је коришћена при писању приједлога пројекта)**

|  |
| --- |
| Zhu,X., Gerstein, M. & Snyder, M.,(2007). Getting connected: analysis and principles of biological networks.  Genes & development, 21(9), pp. 1010-1024.  Alon, U., (2003). Biological networks: the tinkerer as an engineer. science, pp. 1866-1867.  Kondratyeva, L., Alekseenko, I., Chernov, I., & Sverdlov, E. (2022). Data incompleteness may form a hard-to-overcome barrier to decoding life’s mechanism. Biology, 11(8), 1208.  Bianchi, A., Hillen, T., Lewis, M. A., & Yi, Y. (Eds.). 2019. The dynamics of biological systems (Vol. 4). Springer Nature.  Baldi, P., Brunak, S., Chauvin, Y., Andersen, C. A., & Nielsen, H. (2000). Assessing the accuracy of prediction algorithms for classification: an overview. Bioinformatics, 16(5), 412-424.  Alcalá-Corona, S. A., Sandoval-Motta, S., Espinal-Enriquez, J., & Hernandez-Lemus, E. (2021). Modularity in biological networks. Frontiers in Genetics, 12, 701331.  Grbić, M., Kartelj, A., Janković, S., Matić, D., & Filipović, V. (2019). Variable Neighborhood Search for Partitioning Sparse Biological Networks into the Maximum Edge-Weighted $ k $ k-Plexes. IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics, 17(5), 1822-1831.  Jaguzovic, M., Vilendečić, N., Grbić, M., & Matić, D. (2023, March). On similarity of PPI subnetworks induced by important proteins: A case study. In 2023 22nd International Symposium INFOTEH-JAHORINA (INFOTEH) (pp. 1-6). IEEE.  Pavlopoulos, G. A., Secrier, M., Moschopoulos, C. N., Soldatos, T. G., Kossida, S., Aerts, J., ... & Bagos, P. G. (2011). Using graph theory to analyze biological networks. BioData mining, 4, 1-27.  Brandes, U. (2008). On variants of shortest-path betweenness centrality and their generic computation. Social networks, 30(2), 136-145.  Golbeck, J. (2015). Introduction to social media investigation: A hands-on approach. Syngress.  Taniguchi, C. M., Emanuelli, B., & Kahn, C. R. (2006). Critical nodes in signalling pathways: insights into insulin action. Nature reviews Molecular cell biology, 7(2), 85-96.  Barabási, A. L., Gulbahce, N., & Loscalzo, J. (2011). Network medicine: a network-based approach to human disease. Nature reviews genetics, 12(1), 56-68.  Cockayne, E. J. (1978). Domination of undirected graphs—a survey. In Theory and Applications of Graphs: Proceedings, Michigan May 11–15, 1976 (pp. 141-147). Springer Berlin Heidelberg.  Chellali, M., Jafari Rad, N., Sheikholeslami, S. M., & Volkmann, L. (2020). Roman domination in graphs. Topics in domination in graphs, 365-409.  Cockayne, E. J., Dreyer Jr, P. A., Hedetniemi, S. M., & Hedetniemi, S. T. (2004). Roman domination in graphs. Discrete mathematics, 278(1-3), 11-22.  Milenković, T., Memišević, V., Bonato, A., & Pržulj, N. (2011). Dominating biological networks. PloS one, 6(8), e23016.  Kammerling, K., & Volkmann, L. (2009). Roman k-domination in graphs. Journal of the Korean Mathematical Society, 46(6), 1309-1318.  Álvarez-Ruiz, M. P., Mediavilla-Gradolph, T., Sheikholeslami, S. M., Valenzuela-Tripodoro, J. C., & Yero, I. G. (2017). On the strong Roman domination number of graphs. Discrete Applied Mathematics, 231, 44-59.  Gitter, A., Klein-Seetharaman, J., Gupta, A., & Bar-Joseph, Z. (2011). Discovering pathways by orienting edges in protein interaction networks. Nucleic acids research, 39(4), e22-e22.  Nguyen, H. A., Vu, C. L., Tu, M. P., & Bui, T. L. (2015). Discovery of pathways in protein–protein interaction networks using a genetic algorithm. Data & Knowledge Engineering, 96, 19-31.  Anh, N. H. (2014, December). A multi-objective method for discovery of pathways in protein-protein interaction networks. In the 2014 Seventh IEEE Symposium on Computational Intelligence for Security and Defense Applications (CISDA) (pp. 1-7). IEEE.  Iqbal, S., & Halim, Z. (2020). Orienting conflicted graph edges using genetic algorithms to discover pathways in protein-protein interaction networks. IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics, 18(5), 1970-1985.  Inostroza, D., Hernández, C., Seco, D., Navarro, G., & Olivera-Nappa, A. (2019). Cell cycle and protein complex dynamics in discovering signaling pathways. Journal of Bioinformatics and Computational Biology, 17(03), 1950011. |

**4. ОПИС АКТИВНОСТИ**

*Наведите сљедеће елементе:*

1. *Активности које ће бити реализоване током суфинансирања пројекта*
2. *Који је временски оквир потребан за реализацију пројекта*

|  |
| --- |
| У периоду од априла 2024. до априла 2025. године, предвиђене су следеће активности у оквиру реализације пројекта:   1. **Рад са младим истраживачима**: Интензиван научно истраживачки рад са младим истраживачима у области биоинформатике и рачунарске биологије са циљем добијања резултата који се могу публиковати у међународним часописима или презентовати на међународним конференцијама. 2. **Рад на припреми и публикацији научних радова:** Припрема и публиковање научних радова изведених у оквиру пројекта, са фокусом на врхунске међународне часописе. 3. **Организација семинара на ПМФ-у у Бањој Луци**: Наставак семинара Катедре за рачунарске и информатичке науке на тему машинског учења са учешћем домаћих и страних предавача. Страни предавачи ће бити колеге са Универзитета примјењених наука (CUAS), из Филаха (Аустрија), као и сарадници из COST акција ML4NGP и DYNALIFE, које су партнери овог пројекта. 4. **Учешће на конференцијама**: Презентација резултата на конференцијама у наредном периоду. 5. **Рад на завршним радовима младих истраживача**: Подршка изради мастер и докторских теза. 6. **Сарадња са Катедром за рачунарство у Београду**: Заједнички рад на проблемима који су тема пројекта и посјете семинару у Београду. 7. **Посјете семинару у Новом Саду**: Посјете младих истраживача семинарима Одсјека за информатику Природно – математичког факултета, Универзитета у Новом Саду. 8. Сарадња са Институтом за нуклеарне науке ВИНЧА: Установљавање сарадње са истраживачима на пројекту Примена EIIP/ISM биоинформатичке платформе. (зависно од Бранкиног писма подршке) 9. **Активности у оквиру COST акција**: Наставак започетих активности у склопу COST акција ML4NGP и DYNALIFE, чији су чланови Управног одбора (енг. Management committee) проф. др Драган Матић (водећи истраживач овог пројекта) и доц. др Милана Грбић (координатор овог пројекта). Активности укључују радионице, тренинг школе, конференције и семинаре и биће финансиране COST програмом. 10. **Унапређење квалитета научног часописа:** Рад на побољшању квалитета публикација и на подизању квалитета научног часописа Мат-Кол, чији је главни уредник проф. др Душко Богданић, водећи истраживач на овом пројекту. |

**5. ЦИЉЕВИ ПРОЈЕКТА**

*Наведите који су главни циљеви који желите остварити реализацијом пројекта**(разлог због којег проводите пројекат, односно дугорочни стратешки циљ чијем ће остварењу допринијети). Наведени циљ треба бити јасно описан и постављен у везу са резултатима и активностима за које се тражи суфинансирање.*

|  |
| --- |
| Главни циљеви пројекта су:   1. **Публиковање научних радова**: Припрема и објављивање резултата истраживања у научним часописима и конференцијским зборницима. 2. **Дисеминација резултата**: Учешће на конференцијама, семинарима или радионицама ради дискусије и размјене искуства са научном заједницом, како у регионалним тако и у међународним оквирима. 3. **Едукација:** Обука и укључивање младих истраживача у научно –истраживачки рад, те стварање услова за унапређење њихових вјештина и знања у оквиру истраживачког пројекта. 4. **Изградња инфраструктуре:** Набавка и унапређење опреме за Лабараторију за рачунарство и биоинформатику, као и других ресурса који подржавају реализацију пројекта. 5. **Трансфер знања**: Организација и учешћа на семинарима у циљу ширења знања међу учесницима, вођења дијалога, размјене идеја и развој вјештина. 6. **Јачање међународне сарадње и мобилности**: Одржавање и јачање сарадње са истраживачким институцијама и колегама који су међународни партнери пројекта, као и повећање мобилности чланова истраживачког тима. 7. **Јачање академске заједнице**: Унапређење научне заједнице у области биоинформатике. |

**6. ОЧЕКИВАНИ РЕЗУЛТАТИ ПРОЈЕКТА**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| (специфична и мјерљива промјена која ће бити остварена током реализације пројекта и која ће моћи бити доказана)   |  | | --- | | ** научни и прегледни рад (чланак) објављен у часопису који је доступан међународној и домаћој јавности** | |  научна монографија | |  поглавље у монографији | |  **саопштење или рад објављен у зборнику са научног скупа** | |  уводно предавање на научном скупу | |  предавање по позиву са међународног или домаћег научног скупа штампано у  цјелини или у изводу | |  саопштење са међународног или домаћег научног скупа штампано у  цјелини или у изводу | |  објављена научна критика или полемика | |  **рецензија** | |  менторство магистарске тезе и докторске дисертације | |  **магистарски и докторски рад** | |  лексикон | |  енциклопедија | |  картографска публикација | |  нова сорта | |  патент | |  техничко рјешење | |  **нове методе** | |  нови материјали | |  нови технолошки поступак | |

**7. ПОВЕЗАНОСТ И УПОРИШТЕ У ЈАВНИМ ПОЛИТИКАМА И ДРУШТВЕНИ ЗНАЧАЈ ПРОЈЕКТА**

|  |  |
| --- | --- |
| Начин на који је пројекат укључен или наслоњен на јавне политике[[1]](#footnote-2) | Пројекат „Анализа биолошких мрежа методама машинског учења“ се директно наслања на:   * Научно – истраживачке активности Катедре за информатичке и рачунарске науке и Лабараторије за рачунарство и биоинформатику, Природно – математичког факултета, Универзитета у Бањој Луци. * Активности и истраживања COST акција ML4NGP и DYNALIFE, које су партнери ове акције. * Сарадњу са Винчом/Центар Бранка * Сарадњу са партнерима са са Универзитета примјењених наука (CUAS), из Филаха (Аустрија).   Све наведено јасно указују да пројекат представља наставак и јачање досадашњих успјешних истраживањима, али као и на то да су планиране пројектне активности у складу са једном од основих стратегија Универзитета у Бањој Луци – јачање међународне сарадње и интернационализације Универзитета. Поред тога, реализација пројектних активности би допринијела јачању мултидисциплинарне области – биоинформатике не само на Приридно – математичком факултету, већ и у Републици Српској. |
| Услуга, односно јавно добро које ће остати заједници након завршетка пројекта; да ли ће добробити за заједницу који настану из тог пројекта бити трајни и на који начин | Пројекат "Анализа биолошких мрежа методама машинског учења" предвиђа стварање трајних добитака за заједницу кроз представљање одређених услуга или јавних добара. Неколико могућих аспеката трајне добробити за заједницу су:   * **Повећање капацитета и експертизе:** Пројекат доприноси развоју и унапређењу стручности и експертизе у области машинског учења и биоинформатике. Ово ће имати трајан ефекат на капацитете заједнице, обезбјеђујући квалификоване стручњаке. * **Инфраструктура за истраживање**: С обзиром да пројекат укључује опремање и унапређење инфраструктуре за истраживање (Лабараторије за рачунарство и биоинформатику), то ће омогућити наставак истраживања у академској заједници. Истраживачи и студенти могу користити ове ресурсе за своја истраживања и развој. * **Образовање и обука**: Активности попут семинара и научноистраживачког рада које су планиране у пројекту омогућавају образовање и обуку за младе истраживаче. Ово ће у дужем периоду подржати константно унапређивање квалитета образовања у заједници. * **Комуникација и сарадња**: Пројекат такође ствара оквир за продубљивање веза и комуникације између академске заједнице и међународних партнера. Оваква мрежа сарадње може имати дугорочне предности кроз дијалог и размјену идеја.   Укратко, пројекат "Анализа биолошких мрежа методама машинског учења" је оријентисан ка стварању трајних добитака за заједницу кроз постизање научних резултата који остају доступни и корисни након завршетка пројектног циклуса. Овакав приступ има потенцијал да остави дуготрајне позитивне утицаје на заједницу и у различитим сферама живота. |

**8. ЕТИЧКИ АСПЕКТ ПРОЈЕКТА**

|  |  |
| --- | --- |
| **Етичка димензија циљева, методологија и утицаја пројекта**  Описати детаљно идентификоване етичке аспекте у смислу:   * циљева пројекта (нпр. уколико пројекат укључује истраживање осјетљивих група попут дјеце – да ли су узети у ибзир етички аспекти и слично), * методологије попут клиничких студија које подразумијевају претходно одобрење етичког комитета и јасне процедуре, заштите података и слично), * могућег утицаја активности (попут могуће штете по околину и слично) | Истраживања, која су планирана у пројекту "Анализа биолошких мрежа методама машинског учења", ће бити провођена поштујући све академске принципе. Истраживања ће укључивати податке који су јавно доступни у биоинформатичким базама, као и употребу постојећих алата и ресурса уз адекватно референцирање. Пројекат не укључује истраживања осјетљивих група, као ни употребу личних података, те не наноси штету по околину. |
| **Да ли је истраживање претходно одобрено од стране етичког комитета (уколико постоји)** | Планирана методологија истраживања не укључује активности за које је потребно одобрење етичког комитета. |

**9. ОТВОРЕНИ ПРИСТУП**

|  |  |
| --- | --- |
| **Да ли ће подаци и резултати пројекта бити јавно доступни?** | Да, подаци и резултати пројекта "Анализа биолошких мрежа методама машинског учења" ће бити јавно доступни из сљедећих разлога:   * **Отворен приступ науци**: Чланови пројектног тима заговарају отворени приступ науци, подстичу отвореност и дјељење информација. Наведено је у складу са савременим трендовима у научној заједници и пружа могућност другим истраживачима да прегледају, провјере и допуне резултате. * **Транспарентност:** Пројекат ће бити финансиран јавним средствима, па отвореност и дјељење података и резултата требају бити видљиви према заједници која је обезбједила средства за истраживање. * **Промоција научне заједнице**: Дјељење резултата и података може промовисати научну заједницу и створити могућности за нову сарадњу и истраживачке идеје. * **Јавно досупни подаци:** Као што је већ наведено у истраживањима ће се користити јавно доступни подаци, па нема изазова са заштитом података и етичким питањима. |
| **Уколико ће подаци и резултати бити јавно доступни, опишите како и наведите путем којег репозиторијума података и/или радова ће бити доступни?**  **(Нпр. Zenodo, ArXiv, институционални репозиторијум и сл)** | Радови ће бити доступни на ArXiv репозиторијуму, док ће подаци и извршне верзије разивјених алгоритама бити доступни на јавном GitHub репозиторијуму. Линк ка одговарајућем GitHub репозиторијуму ће бити наведен у самом раду. |

**10. КОРИСНИЦИ ПРОЈЕКТА**

|  |  |
| --- | --- |
| Број људи који ће имати користи од пројекта[[2]](#footnote-3) | Реализацијом пројекта „Анализа биолошких мрежа методама машинског учења“ долази до користи по:   * **Научну заједницу**: Истраживања у области биолошких мрежа и машинског учења ће имати значајан утицај на научну заједницу. Резултати пројекта ће бити објављени у научним часописима и презентовани на конференцијама, што ће користити истраживачима из ове области. * **Студенте и образовну заједницу**: Млади истраживачи на пројекту, студенти другог и трећег циклуса студија ће имати користи од нових знања и искуства стечених у току истраживања. Самим тим, образовна заједница ће добити стручнији и квалитетнији кадар. * **Биологе и биоинформатичаре**: С обзиром да је фокус истраживања на биолошким мрежама, биолози и биоинформатичари могу имати користи од развијених метода и алгоритама. Резултати пројекта могу довести до нових приступа у анализи и тумачењу биолошких података. * **Индустрију и технолошке компаније:** Примјене метода машинског учења у биолошким мрежама могу наићи на интерес у индустрији и технолошким компанијама, посебно у областима као што су фармацевтска индустрија и биотехнологија. |
| Усмјереност пројекта на циљне групе и остале добробити пројекта[[3]](#footnote-4) | Пројекат „Анализа биолошких мрежа методама машинског учења“ је усмјерен на научну заједницу, студенте и образовну заједницу, биологе и биоинформатичаре, те на индустрију и технолошке компаније.  Добробити пројекта:   * **Публикације и представљања**: Пројекат ће допринијети области науке кроз публикације у реномираним научним часописима и презентације на конференцијама, што ће допринети ширењу знања и обогаћивању научног дијалога. * **Унапређење метода:** Кроз реализацију пројекта планиран је развој нових метода, што може довести до даљег унапређење биоинформатичке области и отварање нових истраживачких могућности за будућа истраживања. |

**11. ОДРЖИВОСТ**

*Објасните начин на који ће бити осигурана одрживост пројектних резултата и циљева након завршетка пројекта. Овдје можете навести потребне активности, развијене стратегије, план комуникације и сл. Обратите пажњу на финансијску одрживост, институционалну одрживост, одрживост на нивоу политике.*

|  |
| --- |
| Фокус пројекта „Анализа биолошких мрежа методама машинског учења“ је на развоју нових алгоритама и приступа. Добијени научни резултати ће бити верификовани кроз рецензије и објављивања у релевантним часописима из области рачунарске биологије. Објављени научни радови не само да представљају значајан допринос научној области, већ остају трајно доступни стручној јавности.  С обзиром да поред научноистраживачког рада, промовише мултидисциплинарност и међунардну сарадњу пројекат „Анализа биолошких мрежа методама машинског учења“ се уклапа у научне и истраживачке стратегије Универзитета у Бањој Луци и Министарства за научнотехнолошки развој и високо образовање.. Млади истраживачи, који учествују на пројекту, биће подржани за активно учешће у другим домаћим и међународним пројектима кроз програме као што су COST акције.  Одрживост пројекта обезбеђена је кроз континуирано објављивање научних радова, обуку младих истраживача, и интеграцију у широм међународном истраживачком окружењу. Стратегија комуникације укључује активности у складу са националним и међународним стратегијама за научни развој и образовање. |

**12. БУЏЕТ ПРОЈЕКТА**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Р.Б.** | **ИЗВОР ФИНАНСИРАЊА** | **ИЗНОС** |
| 1. | Властита средства | **2816** |
| 2. | Средства гранта | **9984** |
| 3. | Средства међународних организација, донатора... |  |
| 4. | Средства локалне заједнице |  |
| 5. | Средства институција на нивоу БиХ (нпр. МЦП) |  |
| 6. | Средства из осталих извора |  |
|  | **12800** УКУПНО |  |

**13. ИНТЕРНО ПРАЋЕЊЕ ПРОЈЕКТА**

*Опишите начин на који ћете проводити интерно праћење активности и евалуацију резултат пројекта, те ко ће проводити исте.*

|  |
| --- |
| Интерно праћење активности и евалуација резултата пројекта су кључни кораци у осигуравању ефикасног напретка и постизања циљева. За имплементацију ових активности, користићемо следеће приступе:   * **Редовни састанци пројектног тима:** Организоваћемо редовне састанке пројектног тима како бисмо дискутовали о тренутном статусу пројекта, идентификовали евентуалне изазове и постигли сагласност о даљим корацима. * **Праћење рокова и међуфазних циљева:** Поставићемо јасне рокове и међуфазне циљеве током трајања пројекта. Пратићемо напредак у односу на ове циљеве како бисмо осигурали да пројекат иде према плану. * **Повратне информације партнера и сарадника**: Добијање повратних информација од партнерских институција, ментора или сарадника ће бити кључно за евалуацију спољних утицаја пројекта и усклађивање са очекивањима партнера. * **Објављивање радова:** Објављивање научних радова у врхунским међународним часописима подразумева процес рецензије који је суштински за верификацију и квалитет доприноса. Ово је стандардан процес у научним истраживањима који обезбеђује да рад буде подложан критичкој процени од стране независних експерата у одговарајућој области.   Интерне евалуације ће се спроводити редовно током трајања пројекта како бисмо осигурали прилагодљивост и ефикасну корекцију курса, уколико је то потребно. Одговорност за спровођење ових активности биће расподељена међу водећим истраживачима пројектног тим.  Праћење финансијских аспеката пројекта кључно је за ефикасно и одговорно управљање средствима Праћење финансијских елемената пројекта ће вршити одговарајућа факултетска и универзитетска тијела (Управа Факултета, Секретаријат, Рачуноводство Факултета и Универзитета) уз редовно извјештавање финансијера - Министрства за научнотехнолошки развој и високо образовање. |

**14. ПОДАЦИ О КООРДИНАТОРУ И ВОДЕЋИМ ЧЛАНОВИМА ПРОЈЕКТНОГ ТИМА**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. **Научноистраживачка компетентност координатора пројекта (чл. 16. став 2. Правилника)** | |
| а) Број објављених радова на Web of Science, Scopus, SCIndex (М24 или М51), CPCI-S/CPCI-SSH листама у посљедњих пет година  Навести називе радова, часопис и годину објаве и разврстати по горе наведеним категоријама. |  |
| б) Број објављених радова у националним часописима прве категорије у посљедњих пет година  Навести називе радова, часопис и годину објаве |  |
| в) Број радова у националним часописима (друга и трећа категорија) и зборницима и монографијама у посљедњих пет година  Навести називе радова, часопис/зборник и годину објаве  Навести назив монографије и годину објаве |  |
| 1. **Научноистраживачка компетентност водећих чланова пројектног тима (чл. 16. став 3. Правилника)** | |
| а) Број објављених радова на Web of Science, Scopus, SCIndex (М24 или М51), CPCI-S/CPCI-SSH листама у посљедњих пет година  Навести име аутора (члана пројектног тима), назив рада, часопис и годину објаве и разврстати по горе наведеним категоријама. |  |
| (б) Број објављених радова у националним часописима прве категорије у посљедњих пет година  Навести име аутора (члан пројектног тима) називе радова, часопис и годину објаве |  |
| в) Број радова у националним часописима (друге и треће категорије), зборницима и монографијама у посљедњих пет година  Навести име аутора (члан пројектног тима), називе радова, часопис/зборник и годину објаве  Навести име аутора (члан пројектног тима), назив монографије и годину објаве |  |
| 1. **Број младих истраживача укључених у пројекат**   **(млади истраживач је студент 2. циклуса високог образовања млађи од 25 година или студент 3. циклуса високог образовања (докторанд) млађи од 35 година укључен у рализацију пројекта, чл. 4. став 2. Правилника)** |  |
| 1. **Називи међународних научноистраживачких пројеката у којима су учествовали чланови пројектног тима** |  |
| 1. **Списак међународних партнера** |  |

**15. РЕСУРСИ**

*Попуните табелу на бази биланса успјеха ваше организације (наведите вриједности у КМ)*

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Година** | **Укупни приход** | **Укупни расходи** | **Финансијски резултат** |
| Претходна година |  |  |  |
| Година прије претходне |  |  |  |

**Координатор пројекта Руководилац НИ организације**

**\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ М.П. \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_**

**Мјесто и датум: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_**

1. На који начин доприноси реализацији одређене активности и које ефекте ће имати по заједницу [↑](#footnote-ref-2)
2. Ко ће директно или индиректно имати користи од пројекта? Описати прецизно по врсти и броју корисника, узраст, групацију којој припадају и објаснити на који начин пројекат дотиче њихове посебне интересе и како су укључени у реализацију пројекта. [↑](#footnote-ref-3)
3. Усмјереност пројекта на циљне групе и остале добробити пројекта (заштита животне средине, превенција здравља, промоција родне равноправности и једнаких могућности, потребе особа са инвалидитетом, права мањина, културно насљеђе, иновације у неком процесу и сл). [↑](#footnote-ref-4)