**מהלך הריצה של ההרצאה בקצרה – פירוט בסיסי על המצגת הפרויקט צורת ההצגה והחומר הנלמד**

**התחלה: וירוסי מחשב – 2-3 דקות**

החלק הזה לא כל כך רלוונטי לנושא, שמתי אותו רק כדי ליצור פתיחה מעניינת יותר.

אני מאמין שהמימוש בפועל יהיה לשים הגדרה קצרה של ויקיפדיה על מה זה וירוסי מחשב, ואז להגיד במהלך ההרצאה נעבור על כל מיני סוגים וירוסים וכמו ואז להקריא מהר רשימה של 6 וירוסים במחשב כאשר באותה שקופית עולה תמונה של כתבה עליהם בעיתון שכזה מסתירה אחד את השני ולאחר מכן לחזור.

"אבל לפני שנעבור לדוגמאות באופן רחב יותר הנה מידע שחשוב לדעת על וירוסים."

שקופית עם מידע שנשמע סוג של לגיטימי אבל לא נכון לגבי וירוסי מחשב ובפועל הוא נכון לגבי וירוסים אמיתיים כמו, להציג את הגודל המינימלי של 2 קילובייט עד לגודל של מגהבייט שלם...

"""" אבל רגע אני בטוח שיש וירוסים קטנים או גדולים יותר.... אז כן כמו שחלק מכם הבינו כבר הנושא שלי יהיה על וירוסים רגילים לא על וירוסי מחשב, ובאופן יותר ספציפי די אנ איי. """

**העברת הנושא לדי אנ איי וגנים – 6 ד'**

הסבר על מה זה בעצם די אנ איי, עם התייחסות לזה שרוב האנשים קוראים לgenome דנא

הסבר על גינום עם עובדות נוספות ורקע תיאורתי להבנה, סוגים של די אנ איי משמעות שלהם איך בכלל גלו מה זה דבר וכדומה.

מבנה ותפקוד הדנ"א: הבנת מבנה הסליל הכפול, צימוד בסיסים ותפקיד הדנ"א בתורשה.

גנומיקה מבנית: מיפוי וריצוף גנומים, כולל פרויקט הגנום האנושי.

גנומיקה פונקציונלית: הבנת תפקודי גנים ואינטראקציות ביניהם.

ועכשיו אחרי החומר הבסיסי להראות רק בראשי פרקים כזה איזה דברים אפשר בעצם ליצור ואיך ניתן להשתמש בההבנה שלנו בדי אנ איי כדי ליצור דברים שימושים.

גנומיקה סביבתית, ביולוגיה מערכתית, אגריגנומיקה, גנטיקה משפטית, גנטיקה רפואית, ביולוגיה אבולוציונית ו הנדסה גנטית וביוטכנולוגיה

אבל כדי להגיע לדברים האלו ולכלים האלו אנחנו צריכים תחילה למצוא דרכים לנתח, להרכיב מחדש ולהשוואות בין רצפי דנ"א. שזה התחום שבו מתעסק **bioinformatics**

**איך התחום מתקשר למדעי המחשב. איך אפשר בכלל לפרש בין די אנ איי פיזי למידע בינארי**

עכשיו שאנחנו יודעים מה זה בעצם קשור למדעי המחשב... תהליך המעבר של genome מדבר פיזי לשורות וקבצים במחשב שמייצגים את הדי אני איי שלנו (ממש בקצרה)

ואז משם לקונספט של גנים שדומים אחד לשני והשוואה שלהם לצורך פיתוח דברים וכלים ולהסבר איך זה משתמש בפועל – sequence alignment

**הצגת aligment sequence -5 ד'**

כמה מילים על ההקשר של הנושאים הבאים ל- יישור צרפים (sequence alignment):

הרכבת גנום: שיטות להרכבת רצפי דנ"א קצרים לגנומים שלמים.

ניתוח נתונים: כלים חישוביים לניתוח נתונים גנטיים, כולל זיהוי וריאנטים ואנוטציה.

**הצגת אלגוריתמים קיימים ביחד עם פרויקט פייתון קצר שמציג את ההשוואה שלהם:**

**5 דקות לכל סוג, אלגוריתם מתאים והדגמה.**

תחילה בסוגי השוואות קיימות –

1. **Global Alignment**: This type aligns sequences from end to end, maximizing the overall match between the entire sequences. It is most suitable for comparing sequences of roughly equal length and similarity. The Needleman-Wunsch algorithm is commonly used for global alignment.
2. **Local Alignment**: This type finds the best matching region within the sequences. It is useful for comparing sequences that may differ in length and have only a single region of similarity. The Smith-Waterman algorithm is widely used for local alignment.

אחר כך על דוגמאות של אלגוריתמים משם:

Needleman-Wunsch Algorithm (1970): - גלובלי + פרויקט פייתון להדגמה.

Smith-Waterman Algorithm (1981): - לוקאלי + פרויקט פייתון להדגמה.

**סיכום קצר של מה למדנו לפני המעבר לפרויקט וליישום שלו**

ועכשיו אחרי שדיברנו על האלגוריתמים הקיימים נציג את הפרויקט:

**הצגת הפרויקטים – נעשה בשלב הצגת האלגוריתמים**

**פרויקט פייתון פשוט עם מודולים קיימים:**

תחילה שני פרויקטים פשוטים של פייתון שמשתמשים בספריות מוכנות של פייתון להשוואות בין שני קבצים שאני אוריד מהאינטרנט.

פעם אחת באופן לוקאלי ופעם אחת באופן גלובלי – הסבר על המשמעות של כל אחד ומה אפשר להבין מהתוצאה.

**ועכשיו לפרויקט הסופי-6 ד'**

הכנת אלגוריתם משלי שדומה לאלגוריתם רגיל של sequence alignment בצורה שיקח דברים דומים באלגוריתם וישנה אותם טיפה וכאילו יצרתי גרסה קלה משל עצמי של האלגוריתמי האלו והשתמש בזה להשוואה.

המצאת סיבה פקטיבית כמו יש וירוס שעובר לאנשים דרך חסה אז צריך למחוק את כל היצורים שדומים לחסה אז אלגוריתם שמתאים לזה.

הצגת שלבי הפיתוח מה עשיתי והצגת הפרויקט עצמו ביחד עם הסיבה ליצירה שלו.

מבחינת רעיון לפרויקט השימוש הסטנדרטי בכמעט כל סוג אלגוריתם בנושא זה דרך תכנון דינמי, סוג של ליצור מחדש את אחד האלגוריתמים אבל מבחינת רעיון של למה בכלל לעשות את זה, אני צריך לעוות טיפה את המציאות כביכול.

אז אני מחליט שיש איזשהו וירוס שהחליף את המבנה הגנטי שלו נגיד וצירופים מסוימים שווי ערך לצירופים אחרים ואני צריך לעשות את ההפך ולהשוואות לפי זה או משהו בסגנון ואז לפי זה ליצור איכשהו אלגוריתם משלי.

סוף? לא!

בסוף מגלים שזה היה וירוס שהחליף לי את המצגת או משהו כזה לא יודע כדי שאני לא אעלה עליו.