**Metódy v bioinformatike**

**1. Sekvenovanie, zostavovanie genómov​ [sekvenovanie DNA a jeho využitie, čítanie (read), párové čítania, kontig, problém najkratšieho spoločného nadslova, de Bruijnove grafy]**

**2. Zarovnávanie sekvencií​ [Problém lokálneho a globálneho zarovnania dvoch sekvencií, jeho riešenie pomocou dynamického programovania, skórovacia matica a jej pravdepodobnostný význam, štatistická významnosť (E-value, P-value), heuristické hľadanie lokálnych zarovnaní (BLAST), celogenómové a viacnásobné zarovnania]**

**3. Hľadanie génov​ [Gén, exón, intrón, mRNA, zostrih a alternatívny zostrih, kodón, genetický kód, skrytý Markovov model (HMM), jeho stavy, pravdepodobnosti prechodu a emisie, Viterbiho a dopredný algoritmus, použitie HMM na hľadanie génov]**

**4. Evolúcia a komparatívna genomika​ [Fylogenetický strom, zakorenenie stromu, metóda maximálnej úspornosti (parsimony), metóda spájania susedov (neighbor joining), metóda maximálnej vierohodnosti (maximum likelihood), Felsensteinov algoritmus, Jukes-Cantorov model substitúcií a zložitejšie substitučné matice, homológ, paralóg, ortológ, detekcia pozitívneho a negatívneho výberu, fylogenetické HMM, test pomerov vierohodností (likelihood ratio test)]**

**5. Expresia génov, regulácia, motívy​ [Určovanie génovej expresie pomocou microarray alebo sekvenovaním RNA-seq, hierarchické zhlukovanie, klasifikácia, reprezentácia sekvenčných motívov (väzobné miesta transkripčných faktorov) ako konsenzus, regulárny výraz a PSSM, hľadanie nových motívov v sekvenciách, consensus pattern problem, hľadanie motívu pomocou pravdepodobnostných modelov (EM algoritmus)]**

**6. Proteíny​ [Primárna, sekundárna a terciálna štruktúra proteínov, proteínové domény a rodiny, reprezentovanie rodiny pravdepodobnostným profilom a profilovým HMM, protein threading, gene ontology]**

**7. RNA​ [Sekundárna štruktúra RNA, pseudouzol a dobre uzátvorkovaná štruktúra, Nussinovovej algoritmus, minimalizácia energie, stochastické bezkontextové gramatiky, kovariančné modely]**

**8. Populačná genetika​ [Polymorfizmus, SNP, alela, homozygot, heterozygot, rekombinácia, frekvencia polymorfizmu ako markovovský reťazec, náhodný genetický drift, väzbová nerovnováha (linkage disequilibrium), mapovanie asociácií, LD blok, subpopulácia]**