

# Программа

1. Модели биологических последовательностей
2. Скрытые марковские модели. Алгоритмы Витерби и вперёд-назад.
3. Обучение моделей при наличии обучающей выборки. Показатели качества обучения.
4. Обучение скрытой марковской модели при отсутствии обучающей выборки
5. Парное глобальное выравнивание. Вес выравнивания. Алгоритм Нидлмана – Вунша. Аффинные штрафы за гэпы. Парное локальное выравнивание. Алгоритм Смита – Уотермана.
6. Матрицы аминокислотных замен, серии BLOSUM и PAM
7. Статистика локальных выравниваний. Теорема Карлина. E-value
8. BLAST
9. Алгоритмы множественного выравнивания: динамическое программирование, прогрессивное выравнивание, направляющее дерево, улучшение выравнивания
10. Расстояние Кульбака – Лейблера. Множественное выравнивание: энтропия колонки, информационное содержание. Лого-диаграмма.
11. Профили (PSSM, PWM). Псевдоотсчёты. PSI-BLAST.
12. Алгоритмы MEME и Gibbs sampler
13. HMM-профили
14. Взвешивание последовательностей
15. Сборка геномов: постановка задачи, трудности, основные подходы. Показатели качества сборки.