

# Вопросы к экзамену по алгоритмам биоинформатики 2014

1. Редакционное расстояние между последовательностями. Выравнивание последовательностей. Число различных выравниваний. Вес глобального выравнивания.
2. Алгоритмы глобального выравнивания.
3. Выравнивание: произвольные и аффинные штрафы за гэпы.
4. Вес локального выравнивания. Наибольшее общее слово и наибольшая общая подпоследовательность как частные случаи оптимального выравнивания. Алгоритмы Смита – Уотермена и Уотермена – Эггерта.
5. Модели случайных последовательностей. Статистика локальных выравниваний. E-value и P-value для локального выравнивания.
6. Матрицы замен. Серия BLOSUM. Серия PAM.
7. BLAST и BLAST2
8. Проблема малой сложности. Алгоритмы seg и dust. Адаптация матрицы замен к аминокислотному составу.
9. Множественное выравнивание. Энтропия колонки. Вес множественного выравнивания. Алгоритм динамического программирования применительно к множественному выравниванию. Прогрессивное выравнивание. Улучшение готового выравнивания.
10. Профили (PSSM). Псевдоотсчёты. Алгоритмы взвешивания последовательностей.
11. Байесова статистика. Бета-распределение и распределение Дирихле. Связь с псевдоотсчётами.
12. Понятие о скрытой марковской модели (НММ). Примеры НММ. Алгоритм Витерби.
13. Алгоритмы “вперёд” и “вперёд-назад”.
14. НММ-профили. НММ для парного выравнивания.
15. Оценка параметров НММ при наличии обучающей выборки.
16. Оценка параметров НММ в отсутствие обучающей выборки.
17. P-value в статистике. Поправки на множественность испытаний.
18. Генерация случайных чисел с заданным распределением. Метод Монте-Карло. МСМС. Сэмплирование по Гиббсу.
19. Поиск сигналов: алгоритм MEME, Гиббс-сэмплер.

20. Предсказание вторичной структуры РНК. Алгоритм Нуссинов. Принципы, используемые в алгоритме Зукера.