

Вопросы к экзамену по алгоритмам биоинформатики 2014

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