

BIOINFORMATIKA: program predmeta

1. Osnove molekularne biologije: proteini, nukleinske kiseline, biosinteza protein
2. Javne baze podataka nukleotida / proteina; programi za obradu
3. Algoritmi nad niskama: algoritmi sravnjivanja niski- gruba sila, BM, KMP, automati; sufiksna stabla, sufiksni nizovi; primene; pronalaženje motiva (palindromi, ponavljajuće sekvence)
4. Metode poravnanja (alignment): dvostruka, višestruka poravnanja; metode dinamičkog programiranja; heurističke metode - BLAST, FASTA;
5. Filogenetska stabla; metode i algoritmi izgradnje
6. Skriveni Markovljevi modeli (HMM); primene - poravnanje sekvenci, predviđanje
7. Sekvencionisanje i spajanje (asembliranje) genoma
8. Istraživanje podataka / teksta u bioinformatici

Literatura:

Biological sequence analysis: Probabilistic models of proteins and nucleic acids, R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison, *Cambridge University Press, 1998*

(delovi iz: *Algorithmic Aspects of Bioinformatics*, Hans-Joachim Böckenhauer, Dirk Bongartz, *Springer, 2007*

*Bioinformatics*, Andrzej Polanski, Marek Kimmel, *Springer, 2007.*)