

# ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗ ΙΙ

Παντελής Μπάγκος

# ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗ II

- Αλγόριθμοι στη Βιοπληροφορική: Δυναμικός προγραμματισμός στη Βιοπληροφορική, αλγόριθμοι τοπικής (Smith-Waterman) και ολικής στοίχισης βιολογικών ακολουθιών (Needleman-Wunch), ο αλγόριθμος του Gotoh και παραλλαγές, άλλες εφαρμογές δυναμικού προγραμματισμού, Hidden Markov Models στη Βιοπληροφορική, οι αλγόριθμοι forward και backward, αποκωδικοποίηση (αλγόριθμοι Viterbi, Nbest, Posterior, Posterior-Viterbi, OAPD), εκτίμηση παραμέτρων με τους αλγόριθμους Baum-Welch και Gradient Descent, ειδικές τροποποιήσεις του Hidden Markov Model για βιολογικά δεδομένα (Class HMM, αλγόριθμοι για σημασμένες ακολουθίες, αλγόριθμοι ενσωμάτωσης πειραματικής πληροφορίας, profile Hidden Markov Models), εμπειρικές στατιστικές μέθοδοι, ευριστικές μέθοδοι (BLAST, FASTA, CLUSTAL κλπ), η κατανομή των ακραίων τιμών του Gumbel, μέθοδοι εύρεσης παραμέτρων της κατανομής και εφαρμογές της στη Βιοπληροφορική (τοπική στοίχιση, profile Hidden Markov Models), μέθοδοι ομαδοποίησης στη Βιοπληροφορική, γενετικοί αλγόριθμοι στη Βιοπληροφορική, νευρωνικά δίκτυα στη Βιοπληροφορική, εφαρμογές των μεθόδων αυτών σε βιολογικά προβλήματα
- Η γλώσσα PERL (βαθμωτές μεταβλητές, τελεστές, λίστες, πίνακες, ευρετήρια, δομές ελέγχου, διαχείριση εισόδου-εξόδου, ταύτιση προτύπων και κανονικές εκφράσεις), εφαρμογές της PERL στη Βιοπληροφορική (διαχείριση αρχείων βιολογικών δεδομένων μεγάλου όγκου, επεξεργασία αρχείων Uniprot, GenBank, PDB, PFAM κλπ, συγγραφή λογισμικού Βιοπληροφορικής, το πρόγραμμα BIOPERL)
- Ειδικά θέματα Βιοπληροφορικής: συγκριτική γονιδιωματική, δομική γονιδιωματική, λειτουργική γονιδιωματική, ανάλυση δεδομένων γονιδιακής έκφρασης, βιολογία συστημάτων