

Алгоритмическая биоинформатика

Оценочные средства текущего контроля:

Устный опрос:

1. Какие существуют методы поиска мотивов в биологических последовательностях?
2. Для чего нужно уметь находить мотивы?
3. Какие существуют методы обнаружения геномных перестроек?
4. Какие программы позволяют определить районы геномных перестроек?
5. Какие существуют алгоритмы построения пространственной структуры РНК?
6. Какие существуют методы анализа данных в протеомике? 7. Какие методы применяются в масс-спектрометрии?
8. Какие типы взаимодействий можно выделить в белковых сетях?
9. Какие существуют топологические типы сетей?
10. Что такое коэффициент кластеризации и связность окружения?

Контрольная работа:

1. Даны две нуклеотидные последовательности, требуется найти редакционное расстояние между ними.
2. Дается фрагмент генома неизвестного организма, следует аннотировать этот фрагмент, определить кодирующие участки.
3. Дается набор чтений ДНК, требуется собрать протяжённый контиг.
4. Дается короткая нуклеотидная последовательность (шаблон), следует найти его в геномах эукариот, объяснить результаты.
5. Дается набор нуклеотидных (или полипептидных) последовательностей, следует определить их родство и построить филогенетическое дерево.