

**Вопросы к зачету по курсу  
«Математические методы биоинформатики» (осень 2015)  
Казанов М.Д. (ИППИ РАН)**

1. **Выравнивание последовательностей.**  
Глобальное выравнивание. Алгоритм Нидлмана-Вунша. Локальное выравнивание. Алгоритм Смита-Уотермана. Аффинная функция штрафов за разрывы. Матрицы замен. Алгоритм BLAST.
2. **Скрытые Марковские модели.**  
Цепи Маркова. Скрытые Марковские модели (НММ). Алгоритм Витерби. Алгоритм просмотра вперед. Алгоритм просмотра назад.
3. **Оценка параметров НММ.**  
Оценка параметров НММ на основе последовательности наблюдений и известной/неизвестной последовательности смены состояний. Псевдокаунты. Обучение Витерби. Метод максимизации ожидания. Алгоритм Баума-Уэлча.
4. **Множественное выравнивание последовательностей.**  
Оценка качества множественного выравнивания последовательностей. Методы прогрессивного выравнивания последовательностей. Выравнивание профилей.
5. **Профильные НММ.**  
Структура профильной НММ. Поиск последовательностей с помощью профильной НММ. Оценка параметров профильной НММ на основе множественного выравнивания.
6. **Филогенетические деревья.**  
Группы методов построения филогенетических деревьев. Алгоритм UPGMA. Метод максимальной бережливости. Метод максимального правдоподобия. Поиск оптимальной топологии.
7. **Поиск регуляторных сайтов.**  
Регуляторные мотивы ДНК. Дискретные методы поиска регуляторных сайтов – pattern-driving, sample-driving и extended sample-driving алгоритмы. Итеративные методы поиска регуляторных сайтов - метод максимизации ожидания, сэмплирование по Гиббсу, жадный подход.
8. **Сборка геномов.**  
Жадные (greedy) алгоритмы. Методы overlap-layout-consensus. Методы, использующие графы де Брейна.
9. **Предсказание вторичной структуры РНК.**  
Алгоритм динамического программирования Нуссинов.