

## Dalyko sando aprašas

<b>Dalyko sando kodas</b> ( <i>Course unit code</i> )	BINF2414
<b>Dalyko sando pavadinimas</b> ( <i>Course unit title</i> )	Bioinformatika IV
<b>Dėstytojo (-jų) pedagoginis vardas, vardas ir pavardė</b> ( <i>Name and title of lecturer</i> )	Asist. I. Grinis
<b>Katedra, centras</b>	Matematinės informatikos katedra
<b>Fakultetas, padalinys</b>	Matematikos ir informatikos fakultetas
<b>Dalyko sando lygis</b> ( <i>Level of course</i> )	Pirmosios pakopos (First cycle)
<b>Semestras</b> ( <i>Semester</i> )	Rudens (7)
<b>ECTS kreditai</b> ( <i>ECTS credits</i> )	4,5
<b>VU kreditai</b> ( <i>VU credits</i> )	3
<b>Auditorinės valandos</b>	Viso dalyko 64 Paskaitų 32 Seminarų Laboratorinių darbų, 32 Konsultacijų
<b>Reikalavimai</b> ( <i>Prerequisites</i> )	Turi būti išklausęs <ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Duomenų struktūrų ir algoritmų;</li> <li>▪ Programavimo C ( C++, Java ) kalba;</li> <li>▪ Tikimybių teorijos ir matematinės statistikos kursas.</li> </ul>
<b>Dėstomoji kalba</b> ( <i>Language of instruction</i> )	Lietuvių
<b>Dalyko sando tikslai ir numatomi gebėjimai</b> ( <i>Objectives and learning outcomes</i> )	Numatoma, kad studentai susipažins su fundamentaliais bioinformatikos ir skaičiuojamosios biologijos algoritmais ir modeliais, gebės juos tinkamai taikyti ir efektyviai realizuoti programavimo kalba ( pavyzdžiui, C ), galės skaityti ir suvokti atitinkamos tematikos mokslinę literatūrą.
<b>Dalyko sando turinys</b> ( <i>Course unit content</i> )	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. <b>Išsamios paieškos algoritmai.</b> Motyvo paieškos problema (<i>angl.</i> motif search problem), paieškos medžiai.</li> <li>2. <b>Godžiųjų algoritmų taikymai bioinformatikoje</b> ( genomo pertvarkymas, motyvo paieškos ir kt.).</li> <li>3. <b>Dinaminio programavimo algoritmų taikymai bioinformatikoje.</b> Simbolių eilučių redagavimo atstumai ir lygiavimai. Didžiausios bendros simbolių</li> </ol>

	<p>sekų dalies algoritmas. Globalus, lokalus ir parametrinis sekų lygiavimai. Kėlių sekų lygiavimas. Genų prognozės. Statistiniai ir panašumu grindžiami metodai genų prognozėje. Sudurtinis lygiavimas.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>4. <b>„Skaldyk ir valdyk“ algoritmai bioinformatikoje.</b> Atminties atžvilgiu efektyvūs sekų lygiavimo algoritmai. Blokų lygiavimas ir „keturių rusų“ metodas. Subkvadratinio pagal laiką lygiavimo algoritmo konstravimas.</li> <li>5. <b>Grafų algoritmai bioinformatikoje. Grafai ir genetika.</b> DNR dešifravimas. DNR masyvai. Dešifravimas panaudojant hibridizaciją, ryšis su Hamiltono ir Eulerio keliais grafe. Baltymų dešifravimas ir identifikavimas. Spektriniai grafai.</li> <li>6. <b>Kombinatorinės struktūros ir algoritmai bioinformatikoje.</b> Tikslaus sutapymo algoritmai. Raktinių žodžių medžiai. Priesagų medžiai.</li> <li>7. <b>Grupavimo ir medžių konstravimo algoritmai bioinformatikoje.</b> Hierarchinis grupavimas. Evoliuciniai medžiai. Didžiausio ir mažiausio šykštumo problemos.</li> <li>8. <b>Paslėptos Markovo grandinės modelis,</b> jo taikymas konstruojant įvairius tikimybinius bioinformatikos algoritmus ( genų prognozė, eilučių lygiavimas ir kt.).</li> <li>9. <b>Randomizuoti algoritmai bioinformatikoje.</b> Gibso atrankos metodas kėlių sekos lygiavimo problemai spręsti. Atsitiktinės projekcijos.</li> <li>10. <b>Biologinių sekų duomenų bazės,</b> jų struktūra, organizacija. Reali paieška duomenų bazėse ( GSDB, DDBJ, EMBL, PIR, Swiss-Prot ir kt.).Paieškos rezultatų efektyvus panaudojimas.</li> </ol>
<p><b>Pagrindinės literatūros sąrašas</b> <i>(Reading list)</i></p>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. D.Gusfield, Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology, Cambridge University Press, 1997.</li> <li>2. R.Durbin, S.R. Eddy, A.Krogh, G. Mitchison, Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, Cambridge University Press, 1998.</li> <li>3. N.C. Jones and P.A.Pevzner, An Introduction to Bioinformatics Algorithms MIT Press, 2004.</li> </ol>
<p><b>Papildomos literatūros sąrašas</b></p>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. M. J. Bishop, C. J. Rawlings, Christopher J. DNA and Protein Sequence Analysis: A Practical Approach</li> </ol>

	<p>(Practical Approach Series, No 171). Oxford University Press, 1997.</p> <p>2. Andreas Baxevanis, B.F.Francis. Bioinformatics. Ouellette. Wiley, 1998</p> <p>3. David W. Mount. Bioinformatics. Cold Spring Harbor Laboratory, 2001.</p>
<b>Mokymo metodai</b> <i>(Teaching methods)</i>	Teorinė kurso dalis pateikiama paskaitose. Laboratorinių darbų metų studentai atlieka individualias užduotis (realizuoja vieną ar kitą algoritmą, vykdo paiešką biologinių sekų duomenų bazėse ir pan.) bei ruošia grupinius projektus, apimančius įvairius teorinius ir praktinius bioinformatikos aspektus.
<b>Lankomumo reikalavimai</b> <i>(Attendance requirements)</i>	Ne mažiau 90% paskaitų ir 70% pratybų.
<b>Atsiskaitymo reikalavimai</b> <i>(Assessment requirements)</i>	Egzaminas. Egzaminavimo būdas : testas ( raštu ), apimantis visas išeitas per paskaitas temas, su darytas iš variantų pasirinkimo bei atviro teksto klausimų.
<b>Vertinimo būdas</b> <i>(Assessment methods)</i>	Kaupiamasis pažymys: 30 % pažymio sudaro atliktų individualių užduočių laboratorinių darbų metu įvertinimas; 20% - darbo įnašo grupiniame projekte įvertinimas; 50 % - egzamino testo įvertinimas. Studentas gauna neigiama pažymį, jeigu bent vienas iš trijų išvardintų pažymio sudedamųjų įvertintas nulių taškų.
<b>Aprobuota katedros</b>	2004-08-30
<b>Patvirtinta Studijų programos komiteto</b>	2004-09-14