

מרצה:	פרופ. חבר יכני זהר גב. לוי אלונה
מתרגל/בודק תרגילים:	מר שפיר רועי
שעות הרצאה:	הרצאה שלישי 14:30 - 16:30 תרגול שלישי 16:30 - 17:30
דרישות קדם:	(כמו קודם): 94412 - הסתברות מ ו- 234247 - אלגוריתמים (1 או 104034 - מבוא להסתברות ח' ו- 234247 - אלגוריתמים 1)
אתר הקורס: (כתובת האתר)	

תיאור הקורס

1. Intro to molecular biology
2. Sequence alignment (DP, Needleman-Wunch)
3. Distributions and p-values
4. Sequencing technologies, differential expression analysis
5. Suffix trees
6. BWA
7. Multiple alignment
8. Markov models and HMMs
9. Viterbi algorithm
10. MLE, for example: inference of phylogenetic trees
11. EM
12. mHG and enrichment, PPI
13. Summary, applications and new directions

תוצרי למידה

הבנה מעשית ותיאורטית של שיטות אלגוריתמיות המשמשות לאנליזה של נתונים מביולוגיה מולקולרית, כולל: שיטות לניתוח של שרשראות מרקוב, תכנון דינמי עבור התאמת סדרות, מדד ניראות מקסימלית, אלגוריתם EM, העשרה סטטיסטית, אלגוריתם BWA לניתוח נתוני ריצוף מתקדמים.

הציון הסופי ייקבע באופן הבא:

1. 20% - 3 תרגילי בית שינתנו במהלך הסמסטר.

2. 80% - בחינה סופית.

רשימת ספרים

● **Biological sequence analysis probabilistic models of proteins and nucleic acids - Durbin, Richard.**

● **Introduction to computational molecular biology - Setubal, Joao**