

1. Biologiczne bazy danych sekwencji biologicznych:

- NCBI E-utilities oraz Entrez Direct

2. Porównywanie sekwencji:

- dwóch sekwencji ('pairwise'):
 - a) algorytm programowania dynamicznego
 - b) punktowanie dopasowania: matryce podstawień i kary za przerwy
 - c) algorytm BLAST
- wielu sekwencji (msa):
 - a) dopasowanie globalne i lokalne
 - b) metoda progresywna i metody statystyczne
 - c) profile sekwencji (np. PSI-BLAST) i profile HMM
- metody 'alignment-free':
 - a) wykorzystujące k-mery ('word-based')
 - b) oparte o teorie informacji ('information-based')
- statystyka dopasowania sekwencji: e-value;

3. Adnotacja sekwencji biologicznych:

- adnotacja funkcjonalna:
 - a) w oparciu o pokrewieństwo
 - b) identyfikacja funkcjonalnych domen

4. Elementy analizy filogenetycznej:

- drzewa filogenetyczne
- modele zmian ewolucyjnych
- metody rekonstrukcji relacji filogenetycznych:
 - a) minimalna ewolucja
 - b) metody oparte o dystans ewolucyjny ('neighbor-joining')
 - c) metoda maksymalnej wiarygodności ('maximum likelihood')