



MAGYAR BIOINFORMATIKAI TÁRSASÁG KUTATÓSZEMINÁRIUM

Időpont:

2022. február 17, 14:00

Helyszín:

Zoom

Előadások:

1, Nagy Tibor (Mate Mezőgazdasági Genomikai és Bioinformatikai Csoport)

A Julia programozási nyelv biológusoknak

Ha saját fejlesztésű programot szeretnénk írni biológiai adatok elemzéséhez, két választási lehetőségünk van: egy magasabb szintű programozási nyelvet használunk, mint amilyen a Python, R vagy a Matlab, és ezzel a fejlesztési időt rövidítjük le, vagy egy alacsonyabb szintű programozási nyelvvel olyan programot írunk, ami a számítógép erőforrásait a lehető leghatékonyabban használja ki. Az sem ritka, hogy egy algoritmust először Pythonban implementálnak, és csak később, optimalizációs céllal írnak át C/C++-ra, ami a fejlesztési időt tekintve a legrosszabb lehetőség. Ezen a dilemmán segíthetnek az újabban megjelent programozási nyelvek, mint amilyen a Julia is. A Julia programozási nyelv szintaktikája közelebb áll a Pythonhoz, miközben a kód sebességben a fordított nyelvek szintjén jár. A bemutatásra kerülő cikk (Julia for Biologist) három témakört mutat be, ahol a Julia remek alternatívája lehet a jelenleg használt programozási nyelveknek. Ez a három a témakör a sebesség, absztrakció és metaprogramozás.

2, Hegedűs Tamás (Semmelweis Egyetem)

Az Elixir 3D-BioInfo közösség bemutatása

A közösség projektjeinek ismertetése a 2021 évi konferenciájukra fókuszálva (<https://elixir-europe.org/events/3d-bioinfo-2021-annual-meeting>).
