https://data.fulir.irb.hr/user/profile/mbz/250972

Time of export: 28.03.2024. 23:57:21
Repository: data.fulir.irb.hr
Number of records on this URL: 120
Records exported: 100

Title	URL	Authors	Host item title
Ablacija dubokih neuronskih mreža za predviđanje epigenetskih modifikacija		Unković, Ivan	
Aktivno učenje za detekciju rijetkih epigenetskih modifikacija		Pintarić, Matija	
Brzo preklapanje visoko pouzdanih jednomolekularnih očitanja		Kocijan, Martin Josip	
Graf neuronske mreže za de novo sastavljanje genoma		Kolić, Jan	
Graf neuronske mreže za traženje Hamiltonovog puta		Gaćina, Katarina	
Kombiniranje informacija o strukturi proteina i RNA u razvoju nove funkcije bodovanje temeljene na dubokom učenju		Martinović, Ivona	
Klasifikacija mikroba uporabom dubokog učenja		Pongračić, Kristijan	
Korištenje graf neuronskih mreža za odvajanje haplotipa u grafovima sastavljanja		Wolf, Filip	
Metoda za mapiranje bisulfitno tretiranih očitanja na genom		Kosier, Sanja	
Metoda za sastavljanje genoma temeljena na De Bruijn grafovima i minimizatorima		Yatsukha, Roman	
Otkrivanje lažno pozitivnih i lažno negativnih preklapanja u grafu sastavljanja		Požega, Luka	
Popravljanje grešaka u očitanjima čuvajući informaciju o haploidu		Brekalo, Tvrtko	
Poboljšanje djelomično sastavljenog genoma pomoću statističke analize Hi-C očitanja		Meter, Josip	
Vrednovanje modela za predikciju udaljenosti između RNA atoma		Šarić, Jelena	
Aplikacija za analizu bioinformatičkih podataka pomoću vanjskih alata		Briševac, Zvonimir	
Brzo preklapanje visoko pouzdanih jednomolekularnih očitanja		Pratljačić, Suzana	
Detekcija grupa modificiranih nukleotida u očitanjima RNA dobivenih metodom nanopora		Lipovac, Josipa	

Aplikacija za pohranu bioinformatičkih podataka u sustavu PostgreSQL		Ranogajec, Daniel	
Brzo poravnanje visoko pouzdanih dugačkih očitanja		Staver, Mauro	
Poopćenje algoritma za poravnanje parcijalnog uređaja		Rašić, Marin	
Struktura podataka za efikasno spremanje očitanja dobivenih sekvenciranjem genoma		Klabučar, Ivan	
Brzo prepoznavanje mikroba uporabom dubokog učenja		Bakić, Sara	
Metoda za pretvaranje signala dobivenog sekvenciranjem nanoporama u niz nukleotida		Pavlić, Stanislav	
Model dubokog učenja pore za sekvenciranje nanoporama		Penić, Rafael Josip	
Određivanje modificiranih nukleotida koristeći sekvenciranje nanoporama i duboko učenje		Deur, Sanja	
Prepoznavanje mikroba uporabom dubokog učenja		Baksa, Mirna	
De novo sastavljanje mikrobnih zajednica koristeći tehnologiju za očitanje DNA treće generacije		Brekalo, Tvrtko	
Popravljanje djelomično sastavljenog genoma temeljeno na algoritmu HERA		Jurić, Matija	
Pronalaženje varijanti gena grupiranjem pomoću algoritama dinamičkog programiranja		Frajlić, Nera	
Vizualizacija podataka dobivenih sekvenciranjem RNA		Vrlec, Jan	
Prepoznavanje osoba i njihovih emocija u humanoidnom robotu		Gambiraža, Mate	
Preklapanje visoko pouzdanih jednomolekularnih očitanja		Babojelić, Dario	
Prepoznavanje mikroba uporabom obrade signala i lokalno osjetljivog raspršenog adresiranja		Paulinović, Mate	
Sustav za praćenje ispitanika tijekom pretraživanja Google tražilicom		Šaravanja, Matej	
Popravljanje djelomično sastavljenoga genoma pomoći Hi-C očitanja		Wolf, Filip	
De novo sastavljanje diploidnih genoma koristeći tehnologiju za očitanje DNA treće generacije		Yatsukha, Roman	
Protočna struktura za detekciju grupa modificiranih nukleotida u očitanjima RNA dobivenih metodom nanopora		Martinović, Ivona	
Vizualizacija podataka dobivenih sekvenciranjem DNA		Osredek, Nikola	
Procjena očekivanog stupnja potpunosti genoma iz dostupnih očitanja		Fureš, Matej	

Izgradnja biblioteke za poravnavanje parova dugačkih RNA očitanja		Penić, Rafael Josip	
Poliranje DNA slijeda koristeći metode dubokog učenja		Vrček, Lovro	
De novo sastavljanje genoma vođeno referencom		Bakić, Sara	
Gornja granica u sastavljanju genoma		Požega, Luka	
Klasifikacija očitanja koristeći metode dubokog učenja		Relić, Borna	
Korištenje referentne baze za predviđanje plazmida		Deur, Sanja	
Mapiranje dugačkih očitanja		Pongračić, Kristijan	
Mapiranje kratkih očitanja		Pavlić, Stanislav	
Mapiranje slijeda na graf		Batić, Dominik	
Ocjena alata za identifikaciju vrsta u metagenomskim uzorcima		Lipovac, Josipa	
Pronalaženje varijanti gena iz podataka dobivenih sekvenciranjem		Kosier, Sanja	
Identifikacija tipova 1D-signala dubokog učenja		Floreani, Filip	
Rani probir za otkrivanje preeklampsije		Rupe, Marina	
Algorithms for de novo assembly of large genomes.		Vaser, Robert	
Statistical inference of exogenous and endogenous information propagation in social networks.		Piškorec, Matija	
Poboljšanje sastavljenih genoma metodama dubokog učenja		Jurić, Antonio	
Naučene indeksne strukture		Paulinović, Mate	
Brzo pretraživanje sličnih proteinskih sljedova		Babojelić, Dario	
Landau-Vishkin-Nussinov algoritam za poravnanje dva niza		Vršnak, Donik	
Mobilna aplikacija za prikupljanje podataka o korisničkoj aktivnosti		Baksa, Mirna	
Približni algoritam za brzo računanje poravnanja dvaju dugačkih nizova		Sodić, Filip	
Raspoznavanje objekata na pametnom telefonu primjenom konvolucijskih neuronskih mreža		Vidošević, Maja	
Sustav za pohranu DNA		Šaravanja, Matej	
De novo sastavljanje metagenoma koristeći metode za grupiranje očitanja		Škugor, Luka	

Model dubokog učenja s kraja na kraj za određivanje očitanih baza dobivenih uređajem za sekvenciranje MinION		Miculinić, Neven	
Popunjavanje rupa sastavljenih genoma pomoću dugačkih očitanja		Krpelnik, Ivan	
Pretraživanje baza proteina pomoću djelomično uređenog poravnanja		Žuljević, Petar	
Skriveni Markovljev model za određivanje očitanih baza dobivenih uređajem za sekvenciranje MinION		Selak, Ana Marija	
Algoritam za određivanje ukupnog poravnanja dva grafa poravnanja parcijalnog uređaja		Bradač, Mislav	
Algoritam za računanje profila pogreške za tehnologije za sekvenciranje treće generacije		Megla, Lucija	
Analiza metagenomskog uzorka dobivenog sekvenciranjem koristeći uređaje treće generacije		Rupe, Marina	
Identifikacija tipova 1D-signala pomoću nenadziranog dubokog učenja		Tomljanović, Jan	
Identifikacija tipova 1D-signala pomoću polu-nadziranog dubokog učenja		Šebrek, Tomislav	
Klasifikacija bioloških anotacija na velikoj skali koristeći reprezentacije riječi izvedene iz dokumenata biomedicinske znanstvene literature		Baćac, Adriano	
Model dubokog učenja za određivanje očitanih baza dobivenih uređajem za sekvenciranje MinION		Ratković, Marko	
Ručno određivanje lažnih preklapanja koja nastaju pri sastavljanju genoma		Floreani, Filip	
Utjecaj susjeda na vlastito mišljenje		Bestvina, Ivan	
dna2vec: vektorska reprezentacija k-torki različite duljine		Kutnjak, Mateo	
Poravnanje dugačkih RNA očitanja		Jurić, Antonio	
Izgradnja distribucije Linuxa korištenjem okoline Yocto		Šimić, Valerija	
Prijenosni sustav za električnu kapacitivnu tomografiju		Lasić, Ivan	
Poravnanje RNA očitanja na poznate gene		Krpelnik, Ivan	
Stablo Bloomovih filtara za spremanje sljedova		Škugor, Luka	
Sustav potpore odlučivanju za predviđanje i optimalnu nabavu		Miculinić, Neven	

Međuprocesna komunikacija temeljena na redovima poruka		Mihelčić, Velimir	
Programska potpora za analizu značajki fizioloških reakcija na emocionalne podražaje primjenom statističkih metoda i strojnog učenja		Marković, Tomislav	
Analiza metagenomskog uzorka dobivenog sekvenciranjem tehnologijom nanopora u realnom vremenu		Vujević, Ivan	
Odredivost nultog pacijenta ovisno o njegovoj poziciji u mreži		Miholić, Iva	
Implementacija web poslužitelja u programskom jeziku Erlang		Nenadić, Mate	
De novo sastavljanje genoma koristeći dugačka očitanja s velikom pogreškom		Kostelac, Mario	
Algorithms for de novo genome assembly from third generation sequencing data		Sović, Ivan	
EAGLER - Popravljanje već sastavljenih genoma koristeći dugačka očitanja		Šterbić, Luka	
Reducirana baza gena za precizno određivanje vrsta		Humski, Dorija	
Alat za poravnanje dugačkih očitanja		Ratković, Marko	
Generiranje konsenzusnog slijeda iz grafova djelomično uređenih višestrukih poravnanja		Baćac, Adriano	
Poboljšano sufiksno polje		Hadviger, Antea	
Rekonstrukcija filogenetskog stabla koristeći metodu maksimalne uštede uz razgranaj-ograniči optimizaciju		Selak, Ana Marija	
Rekonstrukcija filogenetskog stabla koristeći metodu udruživanja susjeda		Megla, Lucija	
Sufiksno stablo		Šebrek, Tomislav	
Alat za mapiranje dugih očitanja dobivenih RNA sekvenciranjem		Marić, Josip	
De novo sastavljanje transkriptoma		Vaser, Robert	
Identifikacija RNA izoformi iz grafa transkripata		Pavlović, Dario	
Popravljanje postojećih genoma koristići dugačka očitanja s velikom greškom		Čulinović, Marko	
Alat za globalno poravnavanje sekvenci		Žužić, Goran	
Statistical inference algorithms for epidemic processes on complex networks		Antulov-Fantulin, Nino	
C/C++ biblioteka za dinamičko programiranje korištenjem SIMD instrukcija		Šošić, Martin	

Alat za poravnavanje genoma		Žuljević, Petar	
Sklopovska implementacija postupaka za poravnanje genoma		Polović, Marko	
Steganografija i vodeni žig u zaštiti digitalnih fotografija		Šumiga, Sandra	
Alat za brzo pretraživanje baza proteinskih slijedova		Vujević, Ivan	
Širenje informacija u društvenim mrežama		Miholić, Iva	
Alat za mapiranje podataka dobivenih RNA sekvenciranjem		Jerković, Igor	
De novo sastavljanje metagenomskih podataka korištenjem grupiranja podataka temeljenih na Bayesovom modelu		Dvorničić, Mirta	
Određivanje patogenih vrsta iz RNA sekvenciranih podataka		Šošić, Matija	
Pojednostavljenje grafa preklapanja		Rahle, Bruno	
Računalne metode za poboljšanje i validaciju sastavljenih genoma		Županović, Vanessa	
Detectability limits of epidemic sources in networks		Antulov-Fantulin, Nino; Lančić, Alen; Štefančić, Hrvoje; Šmuc, Tomislav; Šikić, Mile	
Optimiranje sigurnosnih pravila vatrozida		Katić, Tihomir	
Poboljšani algoritam za izbor i provjeru kvalitete najboljih multivarijacijskih modela odnosa strukture i svojstava molekula		Papeš Šokčević, Lidija	
Računalna metoda za predviđanje mjesta proteinske interakcije		Šikić, Mile	
Modeli naplate sadržaja u mobilnim paketskim mrežama		Šikić, Mile	