

Time of export: 29.03.2024. 15:07:49

Repository: repozitorij.fer.unizg.hr

Number of records on this URL: 120

Records exported: 100

Title	URL	Authors	Host item title
Ablacija dubokih neuronskih mrež 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 mrež 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, Tvrtnko	
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		Pratljacić, 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 pomoći 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	Osredrek, 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-signalta 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 filtera 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 njegovoј 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 poravnanija	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 poravnjanje 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	