

Построение генетических карт по неполным и зашумленным данным

Алина Крамар
группа 545
руководитель Сысоев С.С
рецензент Добрынин П.В.

Санкт-Петербургский государственный университет

3 июня 2014 г.

Необходимые определения

- геном
- аллель маркер
- кроссинговер
- генетическая карта

Картинка

Картинка

Существующие решения

- CRIMAP
Экспоненциальная сложность от количества особей в родословной.
- FASTLINK
Экспоненциальная сложность от количества маркеров.
- **genmap**
Полиномиальная сложность от количества особей и маркеров.

Постановка задачи

Разработать новый алгоритм генетического картирования на базе метода прямого извлечения данных **genmap**.

Задачи:

- Доработка алгоритма прямого извлечения данных **genmap**.
- Верификация полученного алгоритма.
 - Моделирование и генерация тестовых данных.
 - Сравнение с существующими алгоритмам.

Улучшение **genmap**

Недостатки:

- Неустойчивость к вариациям входных данных.
- Неоптимальная реализация.
- Неправильный результат в случае кратного кроссинговера.

Что улучшили:

- бла
- бла
- бла

Улучшение **genmap**: учёт кратности кроссинговера

бла-бла-бла

Генерация тестовых данных

- Стратегия кроссинговера.
- Численные параметры родословной.
- Симуляция ошибок секвенирования.

Результаты сравнения алгоритмов

Особи/Маркеры	Genmap2	FASTLINK	CRIMAP
200/30	0.3 секунд	10 минут	1 час
200/50	0.3 секунды	10 минут	∞
400/40	6 секунд	∞	3 дня

Результаты

Реализован более хороший алгоритм на основе **genmap**. Проведена верификация его.

- Использованы естественные и синтетические данные.
- Экспериментально показаны его сильные стороны.
- Произведено сравнение с аналогами.

Результаты работы были представлены на конференции **СПИСОК-2014**.