

ВІДГУК

**на випускню кваліфікаційну роботу бакалавра
«Числові методи аналізу ДНК»
студента 4-го курсу кафедри обчислювальної математики
факультету кібернетики Київського національного
університету імені Тараса Шевченка
Товта Аттіли Аттіловича**

З збільшенням кількості послідовностей ДНК і розвитком біотехнологій, з'явилась необхідність порівнювати послідовності ДНК. Було запропоновано багато обчислювальних і статистичних методів порівняння генетичних послідовностей, але незважаючи на це, тема залишається актуальною і на цей час.

У випускній роботі розглянуто сім методів числового задання ДНК і застосування p -статистик для їх порівняння. Студентом була написана програма, яка обчислює за заданим відрізком ДНК його чисельне представлення і p -статистики. Також використовувалися реальні послідовності ДНК. Крім того для кращого розуміння і тестування була написана програма, яка візуалізовувала деякі методи чисельного представлення послідовності ДНК.

Робота Товт А. А. виконана на високому рівні, тема розкрита повністю, автор проявив достатнє знання предметної області і заслуговує оцінки «відмінно».

Науковий керівник
професор кафедри обчислювальної математики,
доктор фізико-математичних наук

Клюшин Д. А.