

## Отзыв руководителя на курсовую работу учеников Дениса Ткачева и Никиты Панюхина

Работа учеников Д. Ткачева и Н. Панюхина посвящена реализации алгоритма сравнения прокариотических геномов и выявлению масштабных различий между ними (транслокаций, инверсий, вставок/делеций большой длины). Подобные алгоритмы используются в задачах построения филогении бактерий по полным геномам (филогения — область биологической систематики, которая занимается идентификацией и прояснением эволюционных взаимоотношений среди разных видов организмов), а также при анализе патогенных бактериальных штаммов для выявления молекулярных механизмов устойчивости к антибиотикам.

На первом этапе работы над курсовым проектом было необходимо разобраться в биологическом контексте работы. Никита и Денис ознакомились с различными учебными пособиями, в том числе с отдельными главами основного учебника “Молекулярная биология клетки” (Б. Альбертс), лекциями по биоинформатике и другими материалами. Далее были реализованы алгоритмы выравнивания геномов на языке C++ и визуализации геномных перестроек на языке Python. Программа и тестовые данные выложены в открытый доступ. Последний этап работы был посвящен написанию отчета.

Никита и Денис были активны на протяжении всего периода выполнения работы, задавали множество вопросов, проявляли инициативу. Программное решение было написано ими самостоятельно, с минимальными подсказками от руководителей, и успешно справляется с обработкой тестовых примеров. Более того, анализ геномов двух штаммов бактерии *Streptococcus pneumoniae*, выполненный при помощи данной программы, позволил выявить участок генома, который, вероятно, отвечает за приобретенную лекарственную устойчивость штаммов последних лет. Это важный пример практического применения полученной программы. Отчет о курсовой работе содержит ряд небольших неточностей, но написан подробно, аккуратно оформлен, содержит наглядные иллюстрации.

Работа выполнена на высоком уровне и заслуживает оценки “отлично”.