

Министерство образования и науки Российской Федерации
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
“САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
УНИВЕРСИТЕТ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ,
МЕХАНИКИ И ОПТИКИ”

УТВЕРЖДАЮ

Зав. кафедрой КТ

проф. Васильев В. Н

_____ 2018 г.

ЗАДАНИЕ
НА ВЫПУСКНУЮ КВАЛИФИКАЦИОННУЮ РАБОТУ

Студенту Забелкин А.А. Группа М3436 Кафедра КТ Факультет ИТиП

Руководитель Алексеев Н.В., к.ф.-м.н., ведущий научный сотрудник Университета ИТМО

1 Наименование темы: Анализ геномных перестроек с помощью случайных графов

Направление подготовки (специальность) 01.03.02 Прикладная математика и информатика

Квалификация Бакалавр

2. Срок сдачи студентом законченной работы 15 мая 2018 г.

3. Техническое задание и исходные данные к диссертации

Требуется проанализировать существующие методы оценки эволюционного между геномами различных видов. Применить эти методы и оценить их достоинства и недостатки. Требуется разработать новый метод оценки истинного эволюционного расстояния, который будет более точно учитывать структуру ДНК. Требуется реализовать новый метод и сравнить с уже существующими, применить к реальным геномным данным.

4 Содержание выпускной работы (перечень подлежащих разработке вопросов)

1 Постановка задачи. Обзор современных результатов в области сравнительной геномики и геномных перестроек

2 Формально описание исследуемой модели. Асимптотический анализ необходимых компонент, построение комбинаторных формул для среднего числа компонент в общем случае.

3 Эмпирический анализ модели и сравнение с теоретическими результатами. Сравнение с существующими оценщиками, тесты на реальных данных.

5 Перечень графического материала (с указанием обязательного материала)

Графические материалы и чертежи работой не предусмотрены

6 Исходные материалы и пособия

- 1. Lin Y., Moret B. (2008). Estimating true evolutionary distances under the DCJ model. Bioinformatics.*
- 2. Alexeev N., Alekseyev M. A. (2017). Estimation of the True Evolutionary Distance under the Fragile Breakage Model. BMC Genomics 18.*
- 3. P. Biller [u dp.] (2016). Breaking Good: Accounting for Fragility of Genomic Regions in Rearrangement Distance Estimation. Genome Biology and Evolution.*

7 Дата выдачи задания «21» «ноября» 2017г.

Руководитель _____

Задание принял к исполнению _____

«21» «ноября» 2017г.