#### Министерство образования и науки Российской Федерации

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ

# "САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ, МЕХАНИКИ И ОПТИКИ"

## **АННОТАЦИЯ**

## ВЫПУСКНОЙ КВАЛИФИКАЦИОННОЙ РАБОТЫ

Студент: Забелкин Алексей Андреевич

Наименование темы ВКР: Анализ геномных перестроек с помощью случайных графов

Наименование организации, где выполнена ВКР: Университет ИТМО

### ХАРАКТЕРИСТИКА ВЫПУСКНОЙ КВАЛИФИКАЦИОННОЙ РАБОТЫ

**1 Цель исследования:** разработка нового метода оценки истинного эволюционного расстояния, который будет более точно учитывать структуру ДНК

- 2 Задачи, решаемые в ВКР:
  - а) Проанализировать существующие подходы
  - b) Изучение структуры ДНК и разработка более точно её учитывающего метода оценки
  - с) Эмпирический и теоретический анализ предложенного метода
- 3 Число источников, использованных при составлении обзора: 3
- 4 Полное число источников, использованных в работе: 6
- 5 В том числе источников по годам:

Отечественных			Иностранных		
Последние 5 лет	От 5 до 10 лет	Более 10 лет	Последние 5 лет	От 5 до 10 лет	Более 10 лет
0	0	0	2	2	2

- 6 Использование информационных ресурсов Internet: нет
- 7 Использование современных пакетов компьютерных программ и технологий: Были использованы язык программирования Python 3.6, библиотеки networkx, numpy, matplotlib, интегрированная среда разработки PyCharm. Для теоретического анализа модели использовался пакет Wolfram Mathematica.
- 8 Краткая характеристика полученных результатов:

Была рассмотрена модель генома, учитывающая структуру ДНК. И разработан алгоритм оценки истинного эволюционного расстояния.

- 9 Полученные гранты, при выполнении работы: Не получены
- 10 Наличие публикаций и выступлений на конференциях по теме работы: нет

Выпуск	сник		
		(ФИО)	(подпись)
Руково,	литель		
T ykobo,	ДИТСИВ	(ФИО)	(подпись)
"	"	20 г.	