ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ

Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий,   
механики и оптики

**Факультет** Информационных Технологий и Программирования

**Кафедра** Компьютерных технологий **Группа**  M3436

**Направление (специальность)**  Прикладная математика и информатика

**Квалификация (степень)**  Бакалавр прикладной математики и информатики

Задание

на выпускную квалификационную работу

**Студент** Забелкин А. А.

**Руководитель** Алексеев Н.В., кандидат физ.-мат. наук, ведущий научный сотрудник университета ИТМО

**1. Наименование темы** Анализ геномных перестроек с   
 помощью случайных графов

**2. Срок сдачи студентом законченной работы**  31 мая 2018 г.

**3. Техническое задание и исходные данные к работе**

Требуется проанализировать существующие методы оценки эволюционного   
 между геномами различных видов. Оценить их достоинства и недостатки   
 и разработать новый метод оценки истинного эволюционного расстояния,   
 который будет более точно учитывать структуру ДНК.

4**. Содержание выпускной работы (перечень подлежащих разработке вопросов)**

а) Изучение существующих методов оценки эволюционного расстояния

б) Применение и анализ существующих методов;   
 в) Изучение особенностей структуры ДНК и разработка метода   
 учитывающего эти особенности;   
 г) Анализ метода и его сравнение с уже существующими.

Теоретический анализ процесса слияния и дробления циклов вместо в)

**5. Перечень графического материала (с указанием обязательного материала)**

Не предусмотрено

**6. Исходные материалы и пособия**

1. Alexeev N., Alekseyev M. A. Estimation of the True Evolutionary Distance under the Fragile Breakage Model // BMC Genomics 18(Suppl 4). — 2017. — С. 19–27.
2. Breaking Good: Accounting for Fragility of Genomic Regions in Rearrangement Distance Estimation / P. Biller [и др.] // Genome Biology and Evolution. — 2016. — Май. — Т. 8, No 5. — С. 1427–1439
3. Lin Y., Moret B. Estimating true evolutionary distances under the DCJ model // Bioinformatics. — 2008. — Т. 24, No 13. — С. 114–122

**7. Консультанты по работе с указанием относящихся к ним разделов работы**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Раздел** | **Консультант** | **Подпись, дата** | |
| **Задание выдал** | **Задание принял** |
| Экономика и организация производства |  |  |  |
| Технология приборостроения |  |  |  |
| Безопасность жизнедеятельности и экология |  |  |  |

КАЛЕНДАРНЫЙ ПЛАН

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| №№  п/п | Наименование этапов выпускной квалификационной работы | Срок выполнения этапов работы |
|  | Изучение существующих методов оценки эволюционного расстояния | до 31.12.2017 |
|  | Применение существующих методов, анализ их достоинств и недостатков | до 31.01.2018 |
|  | Изучение математических моделей структуры ДНК | до 20.02.2018 |
|  | Разработка нового метода, более точно учитывающего структуру ДНК (в рамках модели Танье) | до 31.03.2018 |
|  | Эмпирический анализ разработанного метода | до 30.03.2018 |
|  | Теоретический анализ разработанного метода | до 30.04.2018 |
|  | Проведение сравнения методов | до 30.04.2018 |
|  | Написание пояснительной записки | до 30.05.2018 |

**8. Дата выдачи задания***1 сентября 2017 г*.

Руководитель

Задание принял к исполнению