**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** *M343*6**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 оценщика, 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 [и др.] (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.