**ПОДХОД В АВТОМАТЗИРОВАННОМУ ОТБОРУ ЗНАЧИМЫХ ПРИЗНАКОВ И ОЦЕНКЕ РЕЗУЛЬТАТОВ В ЗАДАЧЕ ПОИСКА ГЕНОМНЫХ МАРКЕРОВ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ**

***В.В. Сатаневский***

*Белорусский государственный университет, satanevsky.vlad@yandex.ru*

*1. Введение.* Развитие высокопроизводительных методов секвенирования дает значительный толчок биологическим исследованиям и становлению персонализированной медицины. Получение полного генетического кода живых организмов стало гораздо более доступным.

Однако, несмотря на это, использование генетического кода довольно затруднительно. Эти трудности связаны с тем, что влияние отдельных аллелей и нуклеотидов на различные процессы, происходящие в живых организмах, изучены лишь частично. В связи с этим, большое распространение получили алгоритмы машинного обучения, позволяющие автоматически находить закономерности в геноме, влияющие на исследуемые процессы.

При этом изучаемая задача имеет некоторые особенности, затрудняющие объективное тестирование различных подходов к её решению.