# БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Факультет прикладной математики и информатики Кафедра математического моделирования и анализа данных

# Аннотация к магистерской диссертации

## РАСПОЗНАВАНИЕ СТРУКТУРЫ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ НА ОСНОВЕ МАРКОВСКИХ МОДЕЛЕЙ

Медведь Евгений Александрович

Научный руководитель — член-корреспондент НАНБ, доктор физикоматематических наук, профессор Ю. С. Харин

#### РЕФЕРАТ

Магистерская диссертация, 89 с., 26 рис., 7 табл., 3 прил., 26 источников.

ЦЕПЬ МАРКОВА, ИНФОРМАЦИОННЫЙ КРИТЕРИЙ, ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ, КРИТЕРИЙ ОДНОРОДНОСТИ, МАЛОПАРАМЕТРИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ.

Объект исследования – модели цепей Маркова.

Цель работы – построение алгоритмов оценки параметров моделей цепей Маркова и проверки статистических гипотез для генетических последовательностей, а также построение алгоритма обнаружения многократных «разладок» в генетической последовательности.

Методы исследования – методы теории вероятностей и математической статистики.

Результатами работы являются метод и алгоритм обнаружения «разладок» в дискретном временном ряду, алгоритмы нахождения оценок максимального правдоподобия параметров моделей цепей Маркова, программное обеспечение, реализующее эти алгоритмы.

Областью применения является математическая статистика, биоинформатика.

### **ABSTRACT**

Master's thesis, 89 pages, 26 fig., 7 t., 3 app., 26 sources.

MARKOV CHAIN, INFORMATION CRITERIA, GENETIC SEQUENCES, HOMOGENEITY TEST, PARSIMONIOUS MODELS.

Research object – models of Markov chains.

Purpose of the work – to construct algorithms for estimating the parameters of the Markov chain models and statistical hypothesis testing for genetic sequences, as well as the construction of multiple "disorders" detection algorithm in a genetic sequence.

Research methods – methods of probability theory and mathematical statistics.

The work result is a method and algorithm for "disorders" detection in a discrete time series, algorithms for finding maximum likelihood estimates of the parameters of the Markov chain models, software that implements these algorithms.

Application area is the mathematical statistics, bioinformatics.