

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Факультет прикладной математики и информатики

Кафедра дискретной математики и алгоритмики

Аннотация к магистерской диссертации

**«Разработка технологии ДНК-идентификации и определения
этногеографической принадлежности неизвестного индивида»**

Демидко Дмитрий Андреевич

Научный руководитель – доктор химических наук,
профессор Андрианов А. М.

Минск, 2020

Реферат

Магистерская диссертация, 34 страниц, 10 рисунков, 20 источников, 1 приложение.

ДНК, ИДЕНТИФИКАЦИЯ, ЛОКУС, АЛЛЕЛЬ, STR-МАРКЕРЫ, ЭТНОГЕОГРАФИЧЕСКАЯ ПРИНАДЛЕЖНОСТЬ, КЛАССИФИКАЦИЯ.

Объект исследования – методы выделения маркеров из последовательностей нуклеотидов, ДНК-идентификация.

Цель работы – изучение методов работы с STR-маркерами, применение методов машинного обучения для классификации генотипов.

В ходе работы были изучены методы работы с последовательностями нуклеотидов. Были рассмотрены проблемные вопросы аннотации и анализа STR-маркеров, определения этногеографической принадлежности, классификации генотипов.

Результат – разработанные методы аннотации STR-маркеров, анализа маркеров с целью определения этногеографической/географической принадлежности, а также их программная реализация.

Область применения – ДНК-идентификация, анализ геномных данных.

Abstract

Master thesis, 34 pages, 10 figures, 20 references, 1 appendix.

DNA-IDENTIFICATION; LOCUS; ALLELE; STR-MARKERS; ETHNO-GEOGRAPHIC ORIGIN, CLASSIFICATION.

The object of the study are methods of STR-markers retrieval from nucleotide sequences, DNA identification.

The objective of the thesis is the study of methods for STR-markers processing, the use of machine learning methods for the classification of genotypes.

During the course of the research, the approaches for nucleotide sequences processing were explored. The problematic issues of STR-markers annotation and analysis were examined, as well as problems of ethno-geographic origin classification.

The result is a set of the developed methods for annotation of STR-markers, analysis of markers in order to determine the ethnogeographic / geographical affiliation, as well as its software implementation.

The fields of application are DNA identification and analysis of genomic data.