

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра микробиологии

Аннотация к дипломной работе

Моделирование процесса накопления нуклеотидных замен в белок-
кодирующих последовательностях прокариот

Бондаренко Юрий Викторович

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Н.В. Воронова

Минск 2020

МОДЕЛИРОВАНИЕ ПРОЦЕССА НАКОПЛЕНИЯ НУКЛЕОТИДНЫХ ЗАМЕН В БЕЛОК-КОДИРУЮЩИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯХ ПРОКАРИОТ.

Данная дипломная работа состоит из 54 страницы, включает 10 рисунков и 1 таблицы. При написании дипломной работы было использовано 53 источников литературы.

Исследования проводились на базе СНИЛ биоинформатики и молекулярной эволюции животных кафедры зоологии Биологического факультета Белорусского Государственного Университета,

Объектом исследования являлись модели марковских цепей с дискретным временем описывающих накопление точечных генетических мутаций в определенной последовательности цепочки ДНК в зависимости от времени.

Цель данной работы - моделирование и выявление общих закономерностей процессов накопления нуклеотидных замен в белок-кодирующих последовательностях.

В дипломную работу входит введение, три главы, выводы.

Методы исследования: математическое и программное моделирование молекулярно-генетических процессов.

Результаты исследования: были полученные основные технические характеристики производительности НРС систем в применении к моделированию эволюционных изменений в нуклеотидных последовательностях. Получены распределения для генетических дистанций для различных моделей накопления точечных генетических мутаций. Рассчитаны теоретические значения скорости накопления генетической дистанции в таксоне с течением эволюционного времени.

МІНІСТЭРСТВА АДУКАЦЫІ РЭСПУБЛІКІ БЕЛАРУСЬ
БЕЛАРУСКІ ДЗЯРЖАЎНЫ ЎНІВЕРСІТЭТ
БІЯЛАГІЧНЫ ФАКУЛЬТЭТ
Кафедра мікрабіялогіі

Анатацыя да дыпломнай працы

Мадэляванне працэсу назапашвання нулеатыдных замен у бялок-
кадавальных паслядоўнасцях пракарыёт.

Бандарэнка Юрый Віктаравіч

Навуковы кіраўнік:
кандыдат біялагічных навук,
дацент Н.У. Воранава

Мінск 2020

МАДЭЛЯВАННЕ ПРАЦЭСУ НАЗАПАШВАННЯ НУЛЕАТЫДНЫХ ЗАМЕН У БЯЛОК-КАДАВАЛЬНЫХ ПАСЛЯДОЎНАСЦЯХ ПРАКАРЫЁТ.

Дадзеная дыпломная праца складаецца з 54 старонкі, уключае 10 малюнкаў і 1 табліцы. Пры напісанні дыпломнай працы было выкарыстана 53 крыніц літаратуры.

Даследаванні праводзіліся на базе СНДЛ біяінфарматыкі і малекулярнай эвалюцыі жывёл кафедры заалогіі біялагічнага факультэта Беларускага Дзяржаўнага Універсітэта,

Аб'ектам даследавання з'яўляліся мадэлі Маркоўскіх ланцугоў з дыскрэтным часам якія апісваюць назапашванне кропкавых генетычных мутацый у пэўнай паслядоўнасці ланцужкі ДНК у залежнасці ад часу.

Мэта дадзенай працы - мадэляванне і выяўленне агульных заканамернасцяў працэсаў назапашвання нуклеатыдных замен ў бялок-кадавальных паслядоўнасцях.

У дыпломную працу ўваходзіць ўвядзенне, тры кіраўніка, высновы.

Метады даследавання: матэматычнае і праграмнае мадэляванне малекулярна-генетычных працэсаў.

Вынікі даследавання: былі атрыманыя асноўныя тэхнічныя характарыстыкі прадукцыйнасці НРС сістэм ва ўжыванні да мадэлявання эвалюцыйных змен у нуклеатыдных паслядоўнасцях. Атрыманы размеркаванні для генетычных дыстанцый для розных мадэляў назапашвання кропкавых генетычных мутацый. Разлічаны тэарэтычныя значэння хуткасці назапашвання генетычнай дыстанцыі ў таксонаў з цягам эвалюцыйнага часу.

MINISTRY OF EDUCATION OF THE REPUBLIC OF BELARUS
BELARUSIAN STATE UNIVERSITY
BIOLOGICAL FACULTY
Department of Microbiology

Annotation to the thesis

Modeling the accumulation process nucleotide substitutes in protein processing
procariot sequences.

Bondarenko Yury Viktorovich

Supervisor:
Candidate of Biological Sciences,
Associated professor N.V. Voronova

Minsk 2020

MODELING THE ACCUMULATION PROCESS NUCLEOTIDE SUBSTITUTES IN PROTEIN PROCESSING PROCARIOT SEQUENCES.

This work consists of 54 pages, includes 10 figures and 1 table. When writing the thesis was used 53 sources of literature.

The object of the study was the model of Markov chains with discrete time describing the accumulation of point genetic mutations in a certain sequence of the DNA chain depending on time.

The purpose of this work is to model and identify the general laws of the processes of accumulation of nucleotide substitutions in protein coding sequences.

The work includes an introduction, three chapters, conclusions.

Research methods: mathematical and software modeling of molecular genetic processes.

Results of the study: the main technical characteristics of the performance of HPC systems were obtained as applied to modeling evolutionary changes in nucleotide sequences. Distributions are obtained for genetic distances for various models of accumulation of point genetic mutations. The theoretical values of the rate of accumulation of genetic distance in a taxon over evolutionary time are calculated.