

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ
БЕЛАРУСЬ**

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

МЕХАНИКО-МАТЕМАТИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ

Кафедра функционального анализа и аналитической экономики

ЛОЙКО

Игорь Олегович

Аннотация к дипломной работе:

**МАТЕМАТИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ
ГЕНОМНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ**

Научный руководитель:
кандидат физико-математических наук,
доцент В.И. Чесалин

Минск, 2024

АННОТАЦИЯ

Лойко И.О. Математические методы исследования геномных последовательностей (дипломная работа). – Минск: БГУ, 2024 – 59 с.

Дипломная работа содержит: 59 страниц, 11 иллюстраций (рисунков), 7 использованных источников.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: ГЕНОМНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ, НУК ЛЕОТИД, ВЕРОЯТНОСТНАЯ МОДЕЛЬ, АЛГОРИТМ, ВЫРАВНИВАНИЕ, ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИСТАНЦИЯ, ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ДЕРЕВО.

В дипломной работе изучаются математические методы, алгоритмы и подходы в исследовании геномных последовательностей.

Рассмотрены вероятностные модели (модели независимого порождения, цепи Маркова), алгоритмы выравнивания последовательностей (алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермана), генетические дистанции и эволюционные модели (p-дистанция, модели Джукса-Кантора и Кимуры), алгоритм UPMGA построения филогенетического дерева.

Решены наиболее характерные задачи теории геномных последовательностей.

Дипломная работа выполнена автором самостоятельно.

ANNOTATION

Loyko I.O. Mathematical methods for studying genomic sequences. – Minsk: BSU, 2024 – 59 p.

The thesis contains: 59 pages, 11 illustrations (pictures), 7 used sources.

KEY WORDS: GENOME SEQUENCE, NUCLEOTIDE, PROBABILITY MODEL, ALGORITHM, ALIGNMENT, GENETIC DISTANCE, PHYLOGENETIC TREE.

The thesis examines mathematical methods, algorithms and approaches in the study of genomic sequences. Probabilistic models (independent generation models, Markov chains), sequence alignment algorithms (Needleman-Wunsch and Smith-Waterman algorithms), genetic distances and evolutionary models (p-distance, Jukes-Cantor and Kimura models), the UPMGA algorithm for constructing phylogenetic tree.

The most characteristic problems of the theory of genomic sequences have been solved.

The thesis was completed by the author independently.