

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Факультет прикладной математики и информатики

Кафедра математического моделирования и анализа данных

Аннотация к дипломной работе

«Выявление зависимостей высокого порядка в случайных последовательностях на основе малопараметрических моделей»

Дубицкий Павел Леонидович

Научный руководитель — кандидат физико-математических наук, доцент
Мальцев М.В.

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа, 38 с., 1 иллюстрация, 3 таблицы, 6 источников.

Ключевые слова: Цепи Маркова, Анализ ДНК, Байесовский информационный критерий, Малопараметрические модели.

Объект исследования – Модели цепей Маркова для анализа последовательностей ДНК.

Цель работы – Сравнение различных моделей цепей Маркова и определение наиболее эффективной для анализа последовательностей ДНК.

Методы исследования – математическое моделирование, теория вероятностей, анализ временных рядов.

В результате исследования разработана компьютерная программа, позволяющая оценить эффективность различных моделей цепей Маркова.

Областью применения: Биоинформатика, Геномика, Математическое моделирование.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа, 38 с., 1 ілюстрацыя, 3 табліцы, 6 крыніц.

Ключавыя словы: Цепі Маркова, аналіз ДНК, Байесаўскі інфармацыйны крытэры, малапараметрычныя мадэлі.

Аб'ект даследавання – мадэлі ланцугоў Маркова для аналізу паслядоўнасцей ДНК.

Мэта даследавання – параўнанне розных мадэляў ланцугоў Маркова і вызначэнне найбольш эфектыўнай для аналізу паслядоўнасцей ДНК.

Метады даследавання – матэматычнае мадэляванне, тэорыя верагоднасцяў, аналіз часовых шэрагаў.

У выніку даследавання распрацавана кампутарная праграма, якая дазваляе ацаніць эфектыўнасць розных мадэляў ланцугоў Маркова.

Вобласці ўжывання: біяінфарматыка, геноміка, матэматычнае мадэляванне.

ABSTRACT

Diploma, 38 p., 1 figure, 3 tables, 6 sources.

Keywords: Markov chains, DNA analysis, Bayesian information criterion, low-parameter models.

Research objects – Markov chain models for analyzing DNA sequences.

Research Objective – Comparing different Markov chain models and determining the most effective one for analyzing DNA sequences.

Research methods – mathematical modeling, probability theory, time series analysis.

As a result of the research, a computer program has been developed to evaluate the effectiveness of different Markov chain models.

Areas of application: Bioinformatics, Genomics, Mathematical modeling.