

# **РОЗРОБКА ПРОГРАМНОГО ЗАСТОСУНКУ ІМПОРТУ ТА АНАЛІЗУ ДАНИХ ЛАНЦЮЖКІВ МІТОХОНДРІАЛЬНОЇ ДНК**

---

**Курсова робота  
студентки 3 курсу  
факультету інформатики  
Самовол Марії**

# Вступ

---

## Мета:

Аналіз допустимих мутацій в структурі послідовностей нуклеотидів мітохондріальної ДНК людського організму та порівняння ланцюжків послідовностей за різними географічними регіонами.

## Актуальність теми:

Для обробки таких великих інформаційних пластів, що є результатом досліджень сучасної генетики, необхідні зручні методи, які на сьогодні може запропонувати лише галузь інформаційних технологій, а саме розробка баз даних та аналіз структурованої інформації.

# Знаходження відстаней поліморфізмів

Version	Distance
M58059	4
M58064	1
M58103	3
M58104	6
M58104	6
M58105	5
M58106	6
M58107	3
M58108	5
M58109	4
M58110	5
M58110	5
M58111	10

	M58059	M58064	M58103	M58104	M58104	M58105	M58106	M58107	M58108	M58109	M58110	M58110	M58111
M58059	0	5	7	8	8	9	8	7	9	8	9	9	12
M58064	5	0	4	7	7	6	7	4	6	5	4	4	9
M58103	7	4	0	7	7	6	7	6	8	5	8	8	11
M58104	8	7	7	0	0	9	4	7	7	10	11	11	16
M58104	8	7	7	0	0	9	4	7	7	10	11	11	16
M58105	9	6	6	9	9	0	9	6	8	7	10	10	13
M58106	8	7	7	4	4	9	0	5	9	10	11	11	16
M58107	7	4	6	7	7	6	5	0	6	7	8	8	13
M58108	9	6	8	7	7	8	9	6	0	9	10	10	15
M58109	8	5	5	10	10	7	10	7	9	0	7	7	12
M58110	9	4	8	11	11	10	11	8	10	7	0	0	11
M58110	9	4	8	11	11	10	11	8	10	7	0	0	11
M58111	12	9	11	16	16	13	16	13	15	12	11	11	0

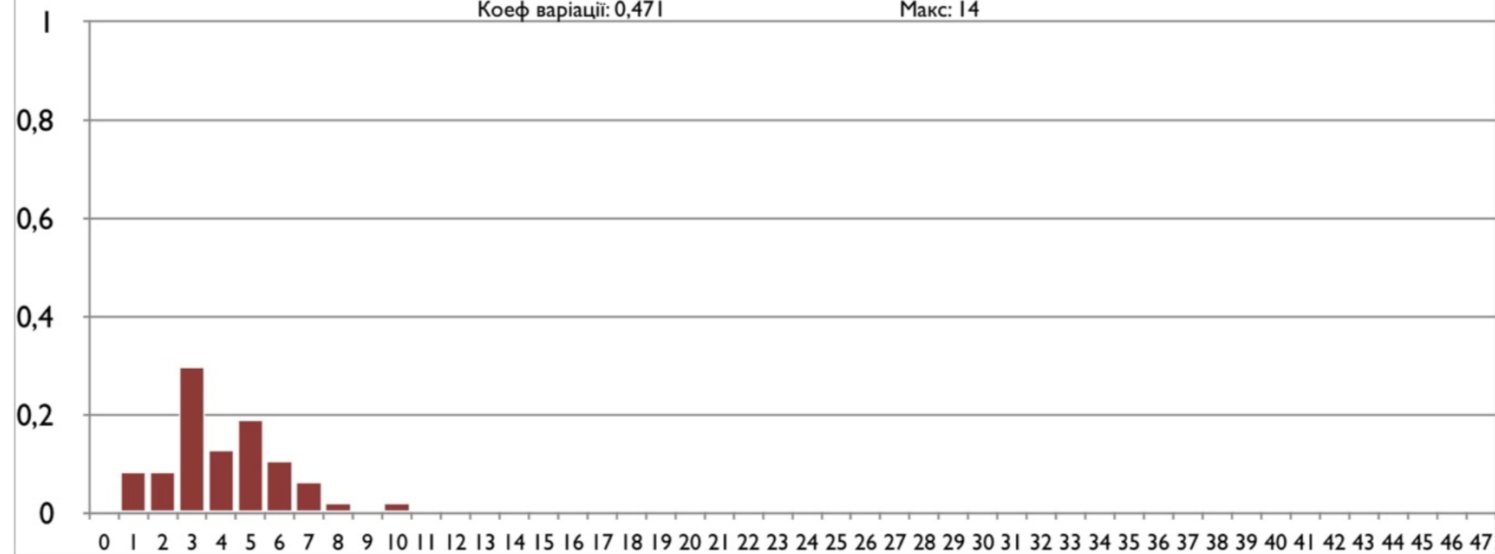
# Розподіли та їх характеристики

[illegible]

■ Розподіл відносно відстані до базової послідовності

Мат сподівання: 4.085  
Сер кв відхилення: 1.922  
Коеф варіації: 0,471

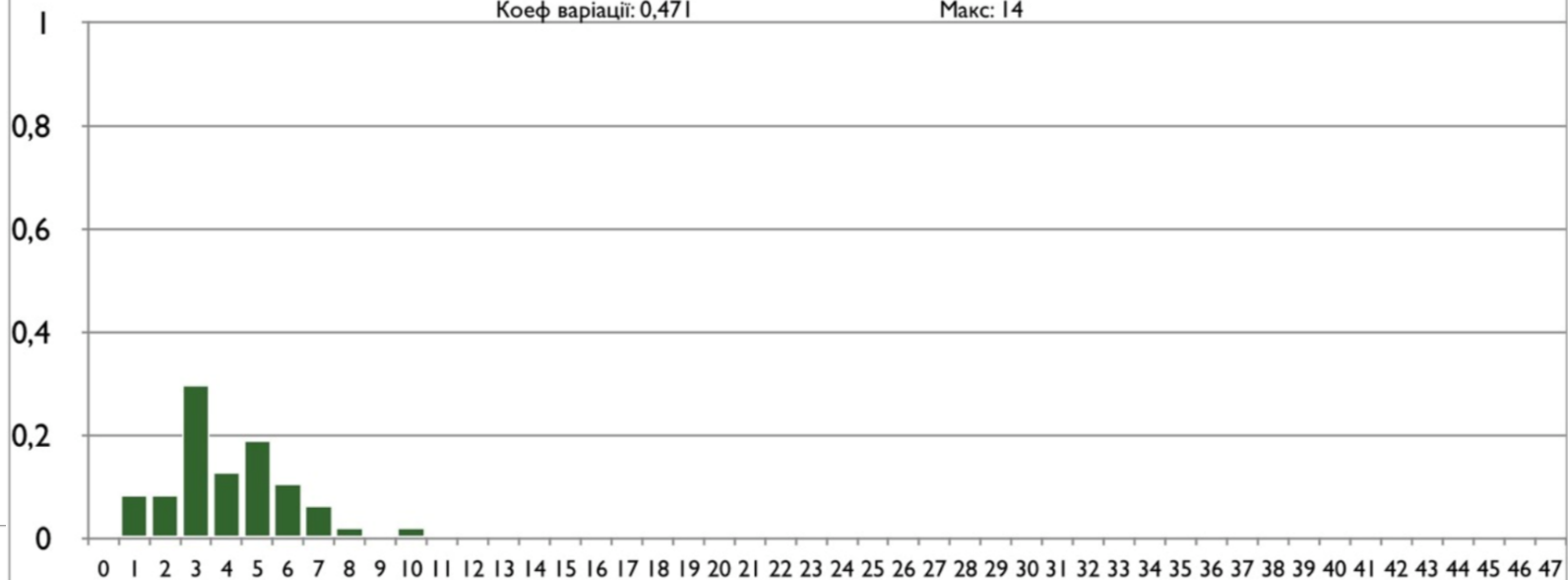
Моди: 3  
Мін: 0  
Макс: 14



■ Розподіл відносно відстані до дикого типу

Мат сподівання: 4.085  
Сер кв відхилення: 1.922  
Коеф варіації: 0,471

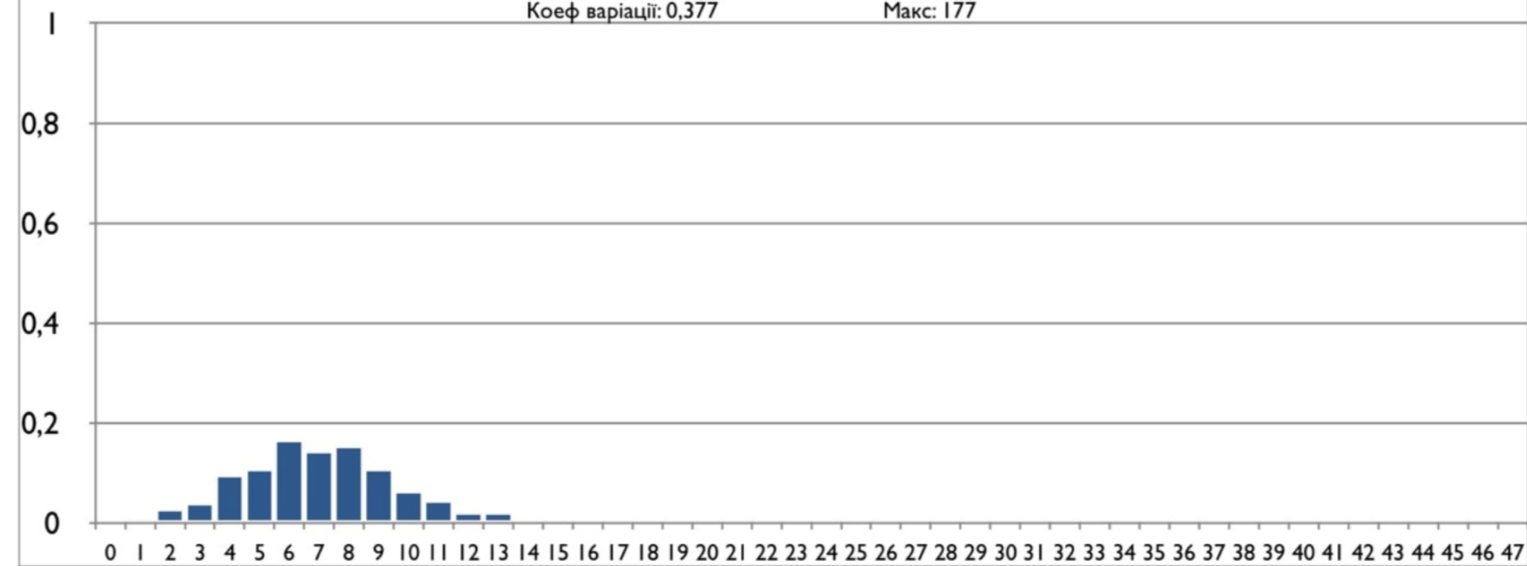
Моди: 3  
Мін: 0  
Макс: 14



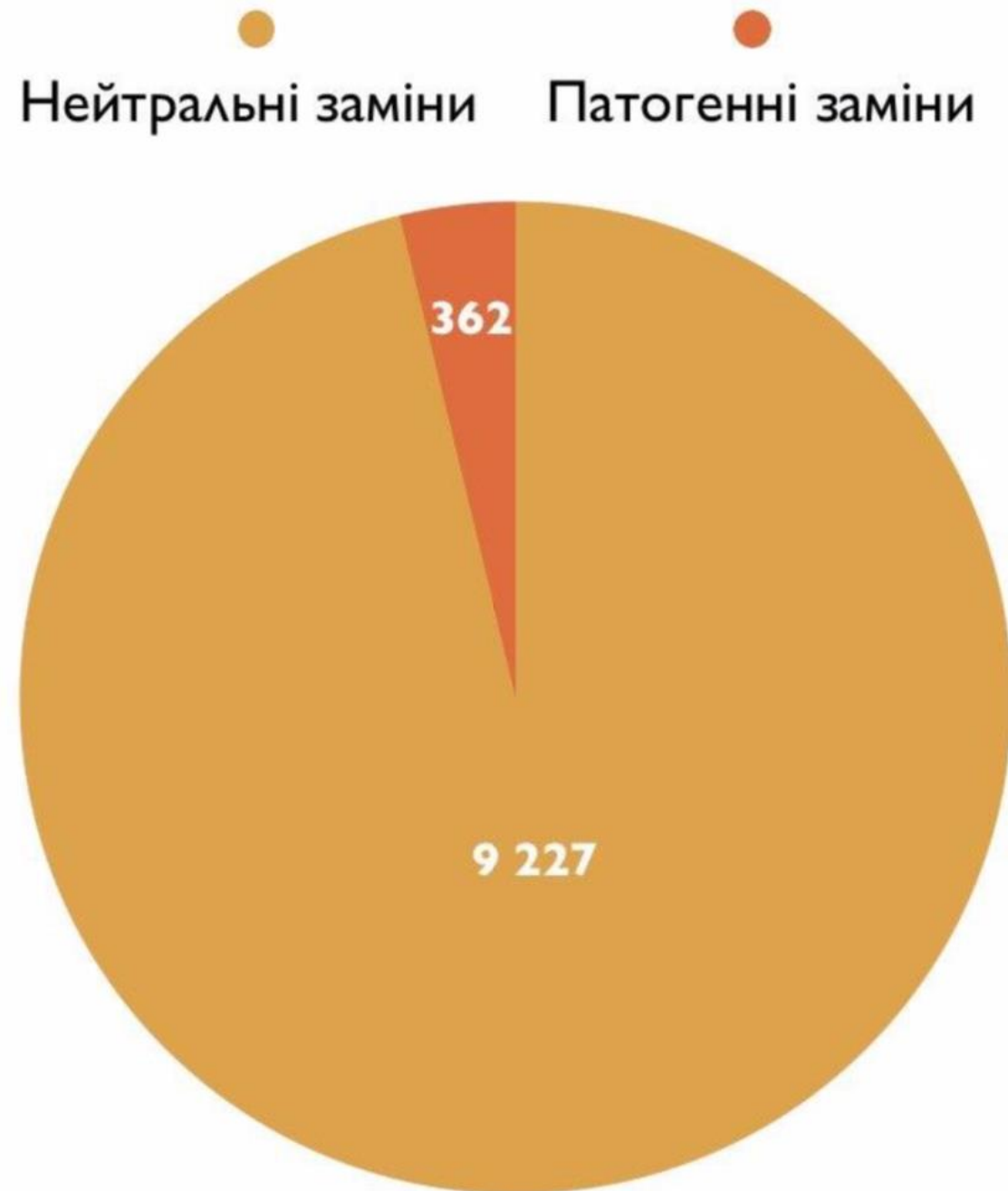
■ Розподіл відносно попарних відстаней

Мат сподівання: 7.057  
Сер кв відхилення: 2.664  
Коеф варіації: 0,377

Моди: 6  
Мін: 0  
Макс: 177

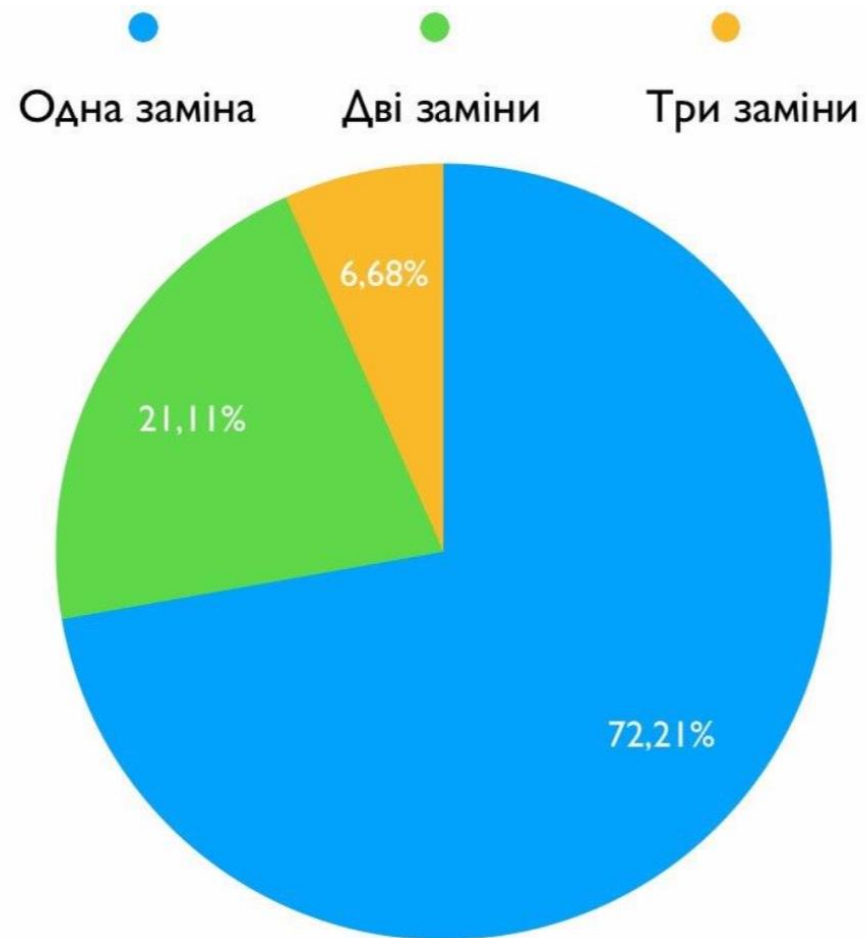


# Відношення кількості нейтральних замін до кількості патогенних замін

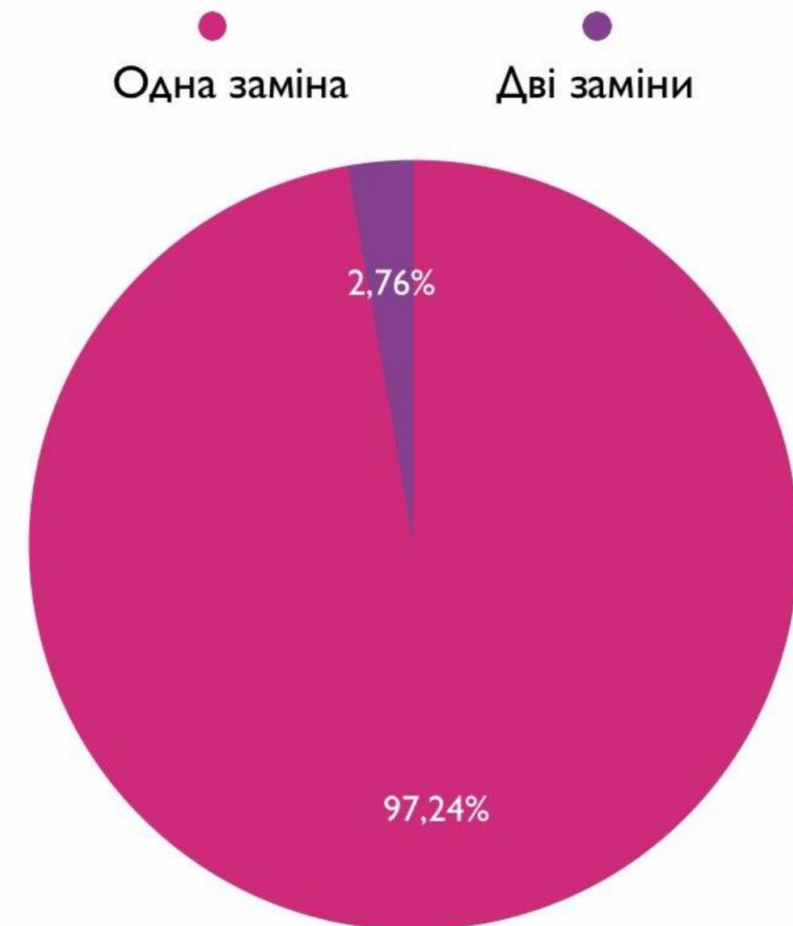


# Кількість поліморфізмів

---



Серед нейтральних мутацій



Серед патогенних мутацій

# Основні результати роботи

---

Результати аналізу допустимих мутацій у структурі послідовностей нуклеотидів мітохондріальної ДНК людського організму та порівняння ланцюжків послідовностей за різними географічними регіонами.

Технічні труднощі під час роботи: лімітована потужність комп'ютера при роботі з великою кількістю даних.

Вирішення проблеми: розбиття даних на декілька частин та відкидання несуттєвої інформації.

Перспективи подальшого розвитку: планується реалізувати додаткові аналітичні методи, додати та проаналізувати дані послідовностей мітохондріальної ДНК осіб з інших географічних регіонів, включаючи Україну.



Дякую за увагу!