

Никита Алексеев
Задачи теории графов в сравнительной геномике.

В докладе мы обсудим задачи, которые необходимо решить для определения эволюционного расстояния между геномами различных видов. Под эволюционным расстоянием понимается количество произошедших геномных перестроек - эволюционных событий, которые меняют архитектуру генома. Типы таких перестроек включают в себя, например, транслокацию и инверсию (см. Рис.1).

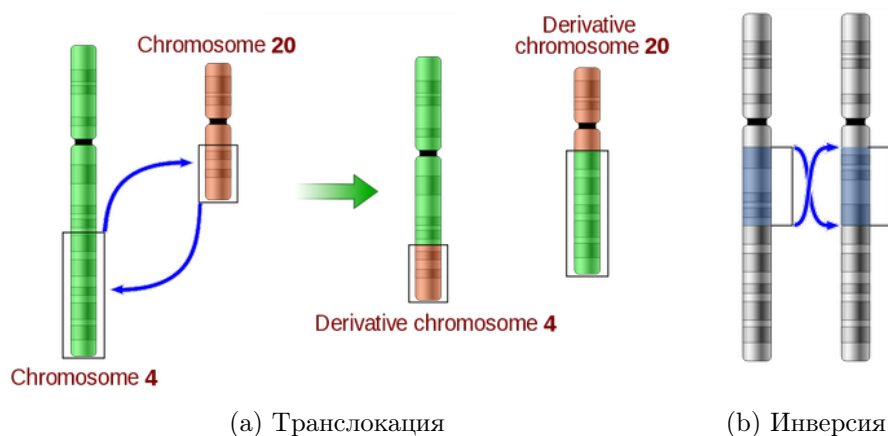


Рис. 1: Геномные перестройки

Я расскажу о методах определения минимального количества перестроек, необходимого для трансформации одного генома в другой. Эти методы основаны на изучении структуры так называемого брейкпоинт графа. Мы также рассмотрим вероятностные оценки эволюционного расстояния, базирующиеся на модели случайных графов Эрдеша-Реньи.

Кроме того, мы обсудим возникающие в данном контексте задачи перечислительной комбинаторики, например, сколько существует геномов на заданном эволюционном расстоянии от данного.

Если позволит время, мы обсудим задачи, связанные с геномами, в которых некоторые гены представлены в нескольких копиях (что часто встречается, например, у растений). В таких случаях задачи об определении расстояния могут быть сформулированы как задачи о трансформации вложенных графов, и решены методами целочисленного программирования.