

Математически задачи, свързани с модерните генетични ТЕХНОЛОГИИ

Деян Палежев
Институт по математика и информатика, БАН

`palejev@math.bas.bg`

Абстракт

Развитието на технологиите през последните десет години позволи създаването на огромни масиви от данни от ДНК и РНК секвениране. В този доклад описваме използваните технологии, както и някои от методите за анализ на генерираните от тях данни, включително методи за намиране на структурни ДНК варианти, както и методи за намирането на диференциално изразени гени. Описваме някои от проблемите, свързани с използването на тези методи, възможни начини за преодоляването на тези проблеми, както и възможностите за оптимизиране и калибриране.