

Облікова картка НДДКР

Державний обліковий номер: 0213U000980

Державний реєстраційний номер: 0110U002722

Відкрита

Дата реєстрації: 07-05-2013



1. Етапи виконання

Номер етапу: 2

Назва етапу: Розробка алгоритмів і програмних засобів рішення задач розпізнавання та прогнозування байесівських мереж. Розробка мультимедійних навчально-демонстраційних комп'ютерних програм.

Початок етапу: 01-2012

Закінчення етапу: 12-2012

Вид звітнього документа: Остаточний звіт

2. Виконавець

Назва організації: Науково-учбовий центр прикладної інформатики НАН України

Код ЄДРПОУ/ІПН: 02022945

Підпорядкованість: Національна академія наук України

Адреса: 03680, МСП, Київ-187, пр. Академіка Глушкова, 40

Телефон: 5266428

E-mail: nucpi@insyg.kiev.ua

3. Власник результатів НДДКР (продукції)

Назва організації: Науково-учбовий центр прикладної інформатики НАН України

Код ЄДРПОУ/ІПН: 02022945

Адреса: пр. Академіка Глушкова, 40, м. Київ, Київська обл., 03680, Україна

Підпорядкованість: Національна академія наук України

Телефон: 266 64 28

4. Джерела та напрями фінансування

Підстава для проведення робіт: 34 - договір (замовлення) з центральним органом виконавчої влади, академією наук (головними розпорядниками бюджетних коштів на проведення НДДКР)

КПКВК: 6521030

Напрямок фінансування: 2.2 - прикладні дослідження і розробки

Джерела фінансування

Джерело фінансування: 7713 - кошти держбюджету

Фактичний обсяг фінансування за звітний етап: 696.2 тис. грн.

5. Науково-технічна робота

Назва роботи (укр)

Розробка ефективних методів розпізнавання та прогнозування складних об'єктів

Назва роботи (англ)

Development of effective methods for recognition and prognostication of complex objects

Реферат (укр)

Досліджено структури багатовимірних об'єктів. Розроблено нові методи і алгоритми прогнозування, класифікації та кластеризації, які є невід'ємною складовою частиною будь-якого сучасного аналізу даних. Методи, що пропонуються, базуються на поєднанні геометричного та статистичного підходів. Вони знайдуть застосування всюди, де є потреба в аналізі багатовимірних даних складної структури. Встановлені правила симетрії для моделі з однаковою полярністю низок ДНК. Доведено, що з симетрії послідовностей основ впливає симетрія коротких послідовностей. На основі моделі ланцюгів Маркова показано, що симетрія для коротких послідовностей основ впливає з симетрії пар основ. Проведено дослідження властивостей симетрії у запису амінокислотних послідовностей білків на двох протилежних низках геномів вищих організмів. Для організмів з простою будовою геному експериментально підтверджується, що з симетрії послідовностей основ впливає симетрія амінокислот в білках, синтезованих по низках ДНК. Розроблено модель розпізнавання функціональних ділянок генів в ДНК на основі моделей Маркова з прихованими змінними. Показано застосування алгоритмів на основі моделей ланцюгів Маркова різних порядків для розпізнавання фрагментів генів геномів вищих організмів. Побудовані поліноміальні (швидкі) байесівські процедури розпізнавання дискретних об'єктів на структурах ациклічного графу типу дерева чи лісу, а також для довільної структури байесівської мережі. Розроблено ефективні методи передбачення просторової структури білків на основі байесівської процедури розпізнавання на ланцюгах Маркова. Звіт складається з п'яти розділів, загальний об'єм – 125 стор., рис. – 28, табл. – 15, перелік посилань 43 наіменувань. Ключеві слова: байесівська мережа, правила симетрії, ланцюг Маркова.

Реферат (англ)

The structures of multidimensional objects are investigated. New methods and algorithms of prognostication, classifications and clusterizations that are the constituent of any modern analysis of data, are worked out. Methods that is offered are based on an association of geometrical and statistical approaches. They will find application anywhere that there is a requirement in the analysis of multidimensional data of difficult structure. The rules of symmetry are set for models with identical polarity of filaments of DNA. It is well-proven that symmetry of short sequences ensues from symmetry of sequences of grounds. On the basis of model of chains the Markov is shown that symmetry for the short sequences of grounds hatches from symmetry of pairs of grounds. Studies of properties of symmetry are undertaken in the record of amino acid sequences of proteins on two opposite filaments of genomes of higher organisms. For organisms with a simple structure experimentally confirmed a genome, that from symmetry of sequences of bases symmetry of amino acids swims out in the squirrel synthesized on the rows of DNA. The model of recognition of functional areas of genes is worked out in DNA on the basis of models of Markov with the hidden variables. Application of algorithms is shown on the basis of models of chains of Markov different orders for recognition of fragments of genes of genomes of higher organisms. The effective methods of foresight of spatial structure of proteins are worked out on the basis of procedure of recognition on the chains of Markov. A report consists of five parts, a general volume is 125 pages, fig. – 28, table. – 15, a list of references is 43 titles.

Індекс УДК: 519.7, 005; 519.7; 303.732

Коди тематичних рубрик НТІ: 27.47

6. Науково-технічна продукція (НТП)

НТП 1

Назва продукції (укр): Алгоритми і програмні засоби рішення задач розпізнавання та прогнозування на байесівських

мережах

Назва продукції (англ): Algorithms and programmatic facilities for the decision of tasks of recognition and prognostication on the Bayes networks

Очікувані результати:

Галузь застосування: Результати робіт за темою досліджень можуть широко використовуватись в установах, що зацікавлені у вирішенні задач розпізнавання та прогнозування складних об'єктів, які описуються моделями байєсівських мереж. Наукові результати будуть впроваджені при розв'язанні за допомогою суперкомп'ютерів кластерного типу складних проблем, які виникають в медичній та технічній діагностиці, структурній біології та генетиці.

Опис продукції (укр): Розробка алгоритмів і програмних засобів рішення задач розпізнавання та прогнозування на байєсівських мережах. Математичні методи і програми апробовані на практиці для аналізу властивостей коду ДНК, кластеризації даних.

Соціально-економічна спрямованість НТП:

Стадія завершеності НТП: Звіт по НДДКР

Впровадження НТП: Не впроваджено

Строки впровадження: 2013-2015 рр.

Виробник продукції: Науково-учбовий центр прикладної інформатики НАН України

Споживачі продукції: наукові заклади, виші медико-біологічного спрямування

Перспективні ринки: Україна, Росія, країни ЄС

Права інтелектуальної власності: За договорами

Форми та умови передачі продукції: за договорами

7. Бібліографічний опис

1. Гупал А. М., Гупал Н. А., Островский А. В. Симметрия и свойства записи генетической информации в ДНК // Проблемы управления и информатики. - 2011. - Т. 3. 2. Островський О. В. Визначення фрагментів генів за допомогою моделей Маркова // Матеріали XIII Всеукраїнської науково-практичної заочної конференції "Сучасна освіта і наука в Україні: традиції та інновації" / Всеукраїнське громадське об'єднання "Нова освіта". - Запоріжжя: 2012. - С. 88-92. 3. Островський О. В. Статистичні закономірності структури білків живих організмів // Матеріали III Всеукраїнської науково-практичної конференції "Наука України. Перспективи та потенціал" / Всеукраїнське громадське об'єднання "Нова освіта". - Запоріжжя: 2012. - С. 84-86. 4. Сергиенко И. В., Гупал А. М., Островский А. В. Распознавание фрагментов генов в ДНК с применением моделей Маркова со скрытыми переменными // Кибернетика и системный анализ. - 2012. - Т. 3. - С. 58-67. 5. Сергиенко И. В., Гупал А. М., Островский А. В. Симметрия в белках, синтезируемых по нитям ДНК // Проблемы управления и информатики. - 2012. - Т. 3. - С. 141-148. 6. Сергиенко И. В., Гупал А. М., Вагис А. А. Правила симметрии в записи генетической информации в ДНК // Кибернетика и системный анализ. - 2011. - № 3. - С. 88-94. 7. Сергиенко И. В., Гупал А. М., Вагис А. А. Симметрия и свойства записи информации в ДНК // Доклады Академии наук - 2011, том 439, - № 1 - С. 30-32. 8. Вагис А.А. Байесовские процедуры распознавания на сетях // Проблемы управления и информатики. - 2010. - № 6 - С. 85-90. 9. Быстрый алгоритм вывода структур байесовских сетей из данных / А.С. Балабанов, А.С. Гапеев, А.М. Гупал, С.С. Ржепецкий // Проблемы управления и информатики. - 2011. - № 5. - С. 73-80. 10. Сергиенко И.В., Белецкий Б.А., Гупал А.М. Предсказание торсионных углов в аминокислотных последовательностях белков на основе байесовской процедуры распознавания на цепях Маркова белков // Кибернетика и системный анализ, 2010, № 5. - С. 4-11. 11. Минько А.А. Восстановление значений функции на структурированных данных. // Сучасна наука в мережі Інтернет. Матеріали П'ятої Всеукраїнської наукової Інтернет-конференції 29-30 вересня 2011 р. - Тернопіль: Тайп, 2011. 12. Минько О.О. Побудова обмежувальної сфери над дискретною множиною точок. // Значення сучасної науки для динамічного розвитку України. Матеріали Восьмої Всеукраїнської наукової Інтернет-конференції 29-30 грудня 2011 р. - Тернопіль: Тайп, 2011. - С. 79-82. 13. Минько О.О. Аналіз структури точкових множин за допомогою обмежувальної сфери. // Економічна кібернетика - інженерія економіки. Матеріали Одинадцятої Всеукраїнської наукової Інтернет-конференції 30-31 березня 2012 р. - Тернопіль: Тайп, 2012. - С. 83-87. 14. Минько О.О. Аналіз структури точкових множин за допомогою перерізів та шляхом порівняння з рівномірною сіткою. // Наукові дослідження - інструмент вирішення актуальних проблем економіки. Матеріали Шістнадцятої Всеукраїнської наукової Інтернет-конференції 28-29 листопада 2012 р. - Тернопіль: Тайп, 2012. - С. 96-99.

8. Звітна документація

Кількість сторінок в звіті: 125

Мова звіту: Українська

Кількість файлів у звіті: 1

9. Заключні відомості

Перелік осіб-виконавців

Вагіс Олександра Анатоліївна

Гупал Анатолій Михайлович

Мінько Олександр Олександрович

Керівник організації:

Распопов Віктор Борисович

Керівники роботи:

Распопов Віктор Борисович (к. ф.-м. н., доц.)

Керівник відділу реєстрації наукової діяльності
УкрІНТЕІ



Юрченко Т.А.