**Форгани Маджид Али Математическое моделирование антигенного сходства штаммов вируса гриппа с помощью вейвлет-преобразования**

ОГЛАВЛЕНИЕ ДИССЕРТАЦИИ

кандидат наук Форгани Маджид Али

Оглавление

Основные обозначения и соглашения

Введение

1 Модель

1.1 Математическая постановка задачи

1.2 Линейная модель антигенного сходства

1.3 Вывод по главе

2 Численные методы и оптимизация

2.1 Численное отображение белка

2.2 Численное представление мутации

2.2.1 Гибридные признаки: комбинирование методов Ву и Яня с глобальными дескрипторами

2.2.2 Преобразования вейвлет и вейвлет-пакет

2.2.3 Сортировки последовательностей белка с помощью ПВП

2.3 Метод декомпозиции вейвлет-частиц

2.4 Первый вычислительный эксперимент: Изучение изменения аминокислоты в одной позиции с применением ДВЧ

2.5 Трудоемкость алгоритма ДВЧ

2.6 Второй вычислительный эксперимент: Оптимальная комбинация эвристического алгоритма с методом ДВЧ

2.7 Третий вычислительный эксперимент: Демонстрация значимости порядка соседей по отношению к ДВЧ

2.8 Формулировка метода декомпозиции вейвлет-частиц

2.9 Формула частицы

2.10 Преобразования декомпозиции вейвлет-частиц

2.11 Итерационный процесс поиска наилучшей частицы

2.12 Альтернативный метод вычисления декомпозиции частиц

2.13 Четвертый вычислительный эксперимент: Итерационная декомпозиция частиц

2.14 Выводы по главе

3 Программная реализация

3.1 Кластеризация последовательности белка

3.2 Трехмерное дерево эволюции

3.3 Программный комплекс МАГВ и его реализация

3.4 Выводы по главе

Заключение

Краткое описание цели, задач и подходов работы

Основные результаты

Перспективы

Приложение А

Вирусы гриппа и их воздействие

Антигенная изменчивость и антигенный дрейф

Белок гемагглютинин и его структура

Вакцинация и антигенная картография

Приложение В

Литература