

## **Отзыв на курсовую работу Соковиковой Светланы Алексеевны на тему “ Создание модуля для эффективной обработки генетических данных с использованием теста хи-квадрат ”.**

Полногеномный анализ генетических ассоциаций – одно из интенсивно развивающихся направлений генетических исследований. В основе лежит построение результатов множества статистических тестов и дальнейшая интерпретация их результатов. Удобным и универсальным инструментом статистических исследований является язык программирования R, однако выполнение циклических вычислений с использованием R неэффективно.

В качестве задачи данного проекта было предложено написать исполняющий модуль для проведения множественных вычислений результатов категориальных статистических тестов с использованием Хи-квадрат критерия. Попутно предполагалось изучение статистических методов анализа категориальных данных с использованием критериев Хи-квадрат и точного критерия Фишера, а также, проведение простейшего сравнительного анализа с реализацией алгоритма на R и с имеющимися в R специализированными пакетами для обработки такого рода данных.

В целом, студентка Соковикова Светлана Алексеевна справилась с поставленной задачей. Была разработана и реализована концепция чтения и записи результатов в определенном формате, создан простейший исполняющий модуль для выполнения циклических вычислений статистик Хи-квадрат, дающий существенное ускорение вычислений по сравнению с реализацией на R, а также, создан определенный задел для дальнейшей работы, в частности, включающий реализацию модуля циклических вычислений статистик точного критерия Фишера и организацию параллельных вычислений.

Считаю, что курсовая работа студентки Соковиковой Светланы Алексеевны заслуживает оценки “зачтено”.

Научный руководитель  
доцент кафедры теории вероятностей  
и математической статистики

\_\_\_\_\_ С.В. Малов