

ПЕРЕЛІК ПОСИЛАНЬ

1. Гупал А.М., Сергиенко И.В. Симметрия в ДНК. Методы распознавания дискретных последовательностей. – Киев: Наукова думка, 2016. – 257 с.
2. Миронов А.А., Гельфанд М.С. Предсказание и компьютерный анализ экзон-интронной структуры генов человека. // Молекулярная Биология, 2004. – том 38, № 1. – с.82-91
3. Островский А.В. Методы распознавания на основе моделей Маркова со скрытыми переменными. // Диссертация на соискание ученой степени к.ф.-м.н., К.: ИК НАН Украины, 2014.
4. Gelfand M.S. Computer prediction of the exon-intron structure of mammalian pre-mRNAs // Nucleic Acids Research, 1990. – Vol. 18, pp. 5865–5869.
5. Burge C., Karlin S. Prediction of complete gene structures in human genomic DNA. // J. Mol. Biol, 1997. – 268, pp. 78-94.
6. C. Mathé, M. F. Sagot, T. Schiex, P. Rouzé Current methods of gene prediction, their strengths and weaknesses // Nucleic Acids Research, 2002. – No. 30. – pp. 4103–4117.
7. Wang Z., Chen Y., Li Y. A brief review of computational gene prediction methods // Genome Proteomics Bioinformatics. – 2004. – No. 2. pp. 216–221.
8. Rabiner L., Juang B. H. An introduction to hidden Markov models // IEEE ASSP Magazine. – 1986. – No. 3., pp. 4–16.
9. Forney G. D. The Viterbi algorithm // Proceedings of the IEEE, 1973. – No. 61 (3), pp. 268–278.

10. W. H. Majoros, M. Pertea, A. L. Delcher, S. L. Salzberg Efficient decoding algorithms for generalized hidden Markov model gene finders // BMC Bioinformatics, 2005. – No. 6.
11. Winters-Hilt S. Hidden Markov model variants and their application // BMC Bioinformatics, 2006. – No. 7 (2)., pp. 1–14.
12. Dempster A. P., Laird N. M., Rubin D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm // Journal of the Royal Statistical Society, 1977. – No. 39 (1). pp. 1–38.
13. R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison Biological sequence analysis probabilistic models of proteins and nucleic acids // Cambridge University Press, 1998.
14. Сергиенко И. В., Гупал А. М. Статистический анализ генома / И. В. Сергиенко, А. М. Гупал // Цитология и генетика, 2004. – 38, № 4. – С. 76–81.
15. Сергиенко И. В., Гупал А. М., Воробьев А. С., Вагис А. А. Математическая модель // Пробл. упр. и информатики, 2004. – № 2. – С. 68-74.
16. Островський О.В. Застосування статистичних критеріїв для вибору оптимальних метапараметрів у задачі розпізнавання фрагментів // Кібернетика та системний аналіз. – 2016. – Том 52, № 1. – С. 105-114.
17. Сергієнко І.В., Гупал А.М., Островський О.В. Розпізнавання фрагментів генів в ДНК з використанням моделей Маркова з прихованими змінними // Кібернетика та системний аналіз, 2012. – №3. – С. 58–67.
18. Андрейчук И. И., Гупал А. М., Рязанов В. В. Байесовская процедура распознавания фрагментов генов в ДНК // Пробл. упр. и информатики, 2011. – № 6. – С. 120-124.

19. Гупал А. М., Сергиенко И. В. Байесовская процедура - оптимальная процедура распознавания и преобразования // Пробл. упр. и информатики, 2001. – № 3. – С. 5-15.
20. Гупал А. М., Вагис А. А. Статистическое оценивание марковской процедуры распознавания // Пробл. упр. и информатики, 2001. – № 2. – С. 62-71.
21. Гупал А. М., Островський О. В. Використання композицій моделей Маркова для визначення функціональних ділянок генів // Кибернетика и систем. анализ, 2013. – 49, № 5. – С. 61-68.
22. Сергиенко И. В., Гупал А. М. Оптимальные процедуры распознавания и их применение // Кибернетика и систем. Анализ, 2007. – 43, № 6. – С. 41-54.
23. Гупал А. М., Сергиенко И. В. Оптимальные процедуры распознавания : монография. – К.: Наук. думка, 2008. – 232 с. – Библиогр.: с. 228–230.
24. Белецкий Б. А., Гупал А. М. Статистический анализ геномов бактерий. Комплементарность оснований // Пробл. упр. и информатики, 2005. – № 6. – С. 135-140.
25. Neelam Goel, Shailendra Singh, Trilok Chand Aseri A comparative analysis of soft computing techniques for gene prediction // Analytical Biochemistry, 2013. - 438: 14–21.
26. Splice Site Prediction Using Artificial Neural Networks // Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, 2009. - 5488: 102–113.
27. Mark W. Craven, Jude W. Shavlik Machine Learning Approaches to Gene Recognition // Computer Sciences Department University of Wisconsin, 1994.
28. Maxwell W. Libbrecht, William Stafford Noble Machine learning applications in genetics and genomics // Nature Reviews / Genetics, 2015. – Volume 16. - pp.321-332

29. Majoros W. H., Pertea M., Salzberg S. L. TigrScan and GlimmerHMM: two open source ab initio eukaryotic gene-finders // *Bioinformatics*, 2004. – No. 4. – pp. 2878–2879.
30. Stanke M., Waack S. Gene prediction with a hidden Markov model and a new intron submodel. – *Bioinformatics*, 2003. – No. 19. – pp. 215–225.
31. Lim L. P., Burge C. B. A computational analysis of sequence features involved in recognition of short introns. – *Proceedings of National Academy of Sciences of the USA*, 2001. – No. 98. – pp. 11193–11198.
32. Expressed sequence tag [Электронный ресурс] // Режим доступа: https://en.wikipedia.org/wiki/Expressed_sequence_tag
33. I. Korf, P. Flicek, D. Duan, M. R. Brent Integrating genomic homology into gene structure prediction. – *Bioinformatics*, 2001. – No. 17. – pp. 140–148.
34. Yeh R.-F., Lim L., Burge C. Computational inference of homologous gene structures in the human genome. – *Genome Research*, 2001. – No. 11. – pp. 803–816.
35. Matei Zaharia, William J. Bolosky, Kristal Curtis, Armando Fox, David Patterson, Scott Shenker, Ion Stoica, Richard M. Karp, Taylor Sittler Faster and More Accurate Sequence Alignment with SNAP // U.C. Berkeley, 2011.
36. Samuel S. Gross, Chuong B. Do, Marina Sirota, Serafim Batzoglou CONTRAST: a discriminative, phylogeny-free approach to multiple informant de novo gene prediction. – *Genome Biol*, 2007. – 8(12): R269.
37. Sundararajan N., Saratchandran P., *Parallel architectures for Artificial Neural Networks*. – Wiley-IEEE Computer Society Press, 1998. – 412 p.
38. Moore G. Progress in digital integrated electronics. – *IEDM Tech. Digest*, 1975. – pp. 11–13.

39. Нг. Занг, А.А.Краснощеков A distributed platform for parallel training of disann artificial neural networks. – Международный журнал Програмные продукты и системы, 2013. – №3. – ст.99-103.
40. Gabriele Schweikert, Jonas Behr, Alexander Zien, Georg Zeller, Cheng Soon Ong, Sören Sonnenburg, Gunnar Rätsch mGene.web: a web service for accurate computational gene finding. – Nucl Acids Res, 2009. – 37: W312-W316.
41. Edward C. Uberbacher, Richard J. Mural Locating protein-coding regions in human DNA sequences by a multiple sensor-neural network approach. – Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1991. – Vol.88. – pp. 11261-11265.
42. Maji P. Efficient design of neural network tree using a new splitting criterion. – Neuro-computing , 2008. – 71(4–6). – pp. 787–800.
43. Maji P., Das C. Pattern classification using NNtree: design and application for biological data set. – J Intell Syst, 2008. – 17(1–3). – pp. 51–71 .
44. P. Maji and S. Paul, Scalable Pattern Recognition Algorithms. – Springer International Publishing Switzerland, 2014.
45. Feng-Biao Guo, Hong-Yu Ou, Chun-Ting Zhang ZCURVE: a new system for recognizing protein- coding genes in bacterial and archaeal genomes. – Nucleic Acids Research, 2003. - Vol. 31. – No. 6. – pp.1780-1789
46. Z Curve [Электронный ресурс] // Режим доступа: https://en.wikipedia.org/wiki/Z_curve
47. Kulp D., Haussler D., Reese M., Eeckman,F. A generalized hidden Markov model for the recognition of human genes in DNA. – Proc. Int. Conf. Intell. Syst. Mol. Biol., 1996. – Vol. 4. – pp. 134–142.
48. Borodovsky, M., McIninch, J. Genmark Parallel gene recognition for both DNAstrands. – Computers and Chemistry, 1993. – 17(2). – pp. 123-133.
49. Neural Network [Электронный ресурс] // Режим доступа: https://en.wikipedia.org/wiki/Artificial_neural_network

50. James W. Fickett Recognition of protein coding regions in DNA sequences. – Nucleic Acids Research, 1992. – Vol.10. – pp. 5303-5318.
51. Jeffrey Dean, Sanjay Ghemawat MapReduce: Simplified Data Processing on Large Clusters. – Google, Inc., 2004.
52. ML Pipelines: A New High-Level API for MLlib [Электронный ресурс] // Режим доступа: <https://databricks.com/blog/2015/01/07/ml-pipelines-a-new-high-level-api-for-mllib.html>
53. Extracting, transforming and selecting features [Электронный ресурс] // Режим доступа: <https://spark.apache.org/docs/latest/ml-features.html>
54. Евстигнеева И. Революция в аналитике. Как в эпоху Big Data улучшить ваш бизнес с помощью операционной аналитики? М.: Альпина Паблишер, 2016. – 320 с.
55. Натан М. Большие данные. Принципы и практика построения масштабируемых систем обработки данных в реальном времени. М.: Вильямс, 2015. – 368 с.
56. Фрэнкс Б. Укрощение больших данных. Как извлекать знания из массивов информации с помощью глубокой аналитики? М.: Манн, Иванов и Фербер, 2014. – 352 с.
57. Сухобоков А. А. Влияние инструментария Big Data на развитие научных дисциплин, связанных с моделированием. М.: МГТУ им. Н.Э.Баумана, 2015. – 51 с.
58. Dean J., Ghemawat S. MapReduce: Simplified data processing on large clusters // Proceedings of Operating Systems Design and Implementation (OSDI). 2004. – P. 137-150.
59. Гладкий М.В. Модель распределенных вычислений MapReduce. Труды БГТУ, 2016. – №6, с. 194-198.
60. Том У. Hadoop: Подробное руководство. СПб.: Питер, 2015. – 670 с.

61. Ключин Д.А. Оптимізаційні задачі розпізнавання образів (навчальний посібник). – Лекція 8. [Електронний ресурс] // Режим доступу: http://om.univ.kiev.ua/users_upload/15/upload/file/pr_lecture_08.pdf
62. V.Barney, Introduction to Parallel Computing. Lawrence Livermore National Laboratory, 2007 [Електронний ресурс] // Режим доступу: https://computing.llnl.gov/tutorials/parallel_comp
63. Sol Ji Kang, Sang Yeon Lee, Keon Myung Lee Performance Comparison of OpenMP, MPI and MapReduce in Practical Problems. Advances in Multimedia Volume 2015, 2015. – P. 9.
64. POSIX-IEEE Standards Association, 2014 [Електронний ресурс] // Режим доступу: <http://standards.ieee.org/develop/wg/POSIX.html>
65. OpenMP Application Program Interface. OpenMP Architecture Review Board, 2008 [Електронний ресурс] // Режим доступу: <http://openmp.org/mp-documents/spec30.pdf>
66. W. Gropp, S. Huss-Lederman, A. Lumsdaine et al., MPI: The Complete Reference, the MPI-2 Extensions, vol. 2, The MIT Press, 1998.
67. C. Coarfa, Y. Dotsenko, J. Mellor-Crummey et al., An evaluation of global address space languages: co-array fortran and Unified Parallel C. Proceedings of the 10th ACM SIGPLAN Symposium on Principles and Practise of Parallel Programming, 2015. – Pp. 36-47.
68. M. Macedonia, The GPU enters computing's mainstream. Computer, vol. 36, no. 10, 2003. – Pp. 106-108.
69. A. Alexandrov, S. Ewen, M. Heimel et al., M. Heimel et al., MapReduce and PACT – comparing data parallel programming models. Proceedings of the 14th Conference on Database Systems for Business, Technology, and Web (BTW '11), 2011. – Pp. 25-44.
70. Hadoop Tutorial: MapReduce on Hadoop [Електронний ресурс] // Режим доступу: <http://hadooptutorial.wikispaces.com/MapReduce>

71. Сайт конференції iScience [Електронний ресурс] // Режим доступу:
<https://iscience.in.ua>
72. Файли конференції «Інноваційний розвиток науки нового тисячоліття» [Електронний ресурс] // Режим доступу:
<http://molodyvcheny.in.ua/ua/conf/tech/archive/428>