

182(26) заседание Межпредметного семинара состоится
в среду 11 мая 2011 г. в 18:35 в аудитории 202НК

Микроконференция Межпредметного семинара



Сдача зачёта и микродоклады:

Эффект Джозефсона в структурах сверхпроводник-ферромагнетик-сверхпроводник

Шейерман Александр Евгеньевич (853 гр.)

Контактные явления на границе сверхпроводника и несверхпроводящего материала представляют большой фундаментальный и практический интерес. Несмотря на то, что явления слабой сверхпроводимости были открыты почти полвека назад, многое остаётся непонятным. В своем докладе я планирую рассказать про суть эффекта Джозефсона и о его особенностях в структурах с ферромагнитной прослойкой между двумя сверхпроводниками.

Моделирование конституционного большинства

Корытин Андрей Владимирович (898)

Данный микродоклад затрагивает одну из проблем конституционного дизайна, относящуюся к правилам проведения выборов. В докладе определяется оптимальный уровень согласия коллегии выборщиков, необходимый для принятия коллективного решения, с точки зрения максимизации долгосрочного общественного благосостояния. В работе используется несложный аппарат теории случайных процессов и элементы теории вероятностей. Доклад предназначен для специалистов в области конституционного дизайна, а также тех, кому интересна данная проблематика.

Квантовый компьютер

Мельников Алексей Андреевич (756 гр.)

За последние пару десятилетий технологический прогресс значительно увеличил производительность и надежность современных компьютеров. Современный процессор содержит миллиард транзисторов, размер транзистора составляет 22нм, постепенно подходя к размеру отдельной молекулы. При приближении к таким размерам компьютеры могут фундаментально измениться, ведь их работа будет подчиняться законам квантовой механики. В своем докладе я расскажу об основных идеях, демонстрирующих преимущество квантовомеханического подхода к построению компьютеров будущего.

Биоинформатика. Анализ больших геномов и транскриптомов

ГаражА Андрей Владимирович (746 гр.)

Доклад посвящён одному из направлений очень востребованной сегодня науки - биоинформатики. В докладе основное внимание будет удалено обработке больших массивов данных ДНК и РНК. Последние годы экспоненциально нарастают данные о первичной структуре ДНК различных организмов. И, несмотря на широкий инструментальный набор молекулярной генетики, определённую сложность представляет процесс аннотации полученных последовательностей, выяснение их роли, как в организации генома, так и в функционировании организма в целом.

С развитием технологий секвенирования проблема обработки массивных данных появилась у молекулярных биологов, не связанных напрямую со сборкой больших геномов, а занимающихся, например, геномикой или транскриптомикой.

Будет рассказано, какие сейчас применяются сервисы поиска и аннотации последовательностей, почему привычные BLAST и BLAT сами по себе не смогут обработать десятки тысяч последовательностей, пришедших с секвенирования. Затронем и сугубо технические стороны, например, как устроен геномный браузер, какие алгоритмы поиска и выравнивания последовательностей можно использовать и для каких целей.

Все эти обзорные рассуждения планируется сопровождать примерами из наших проектов. Нами было разработано специальное программное обеспечение для картирования и аннотации множества последовательностей, а также удобной последующей работы с ними.