

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Факультет радиофизики и компьютерных технологий

Кафедра системного анализа и компьютерного моделирования

Аннотация к дипломной работе

**«Разработка программного обеспечения для моделирования и
анализа выраженности генов в экспериментах с
использованием микрочипов ДНК.»**

Саечников Антон Владимирович

Научный руководитель – доцент Яцков Н.Н.

2014

РЕФЕРАТ

Диплом содержит 79 страниц, 7 таблиц, 11 рисунков и 76 источников.

МИКРОЧИП ДНК, МЕТОДЫ АНАЛИЗА МИКРОЧИПОВ, ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ДАННЫХ, ПРОГРАММНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ, ИММИТАЦИОННАЯ МОДЕЛЬ, БИОЛОГИЧЕСКИЙ ОБЪЕКТ, ГЕН, БИОФУНКЦИИ

Объектом исследования являются данные микрочипов ДНК, а также методы анализа и моделирования данных микрочипов, программные решения для выполнения анализа данных микрочипов.

Целью исследования является разработка комплексного программного обеспечения для моделирования и анализа данных микрочипов ДНК.

Выполнено исследование алгоритмов и методик обработки микрочипов ДНК, наиболее эффективные методы анализа интегрированы в программном пакете.

Выполнен анализ существующих программных пакетов и сред обработки данных с микрочипов ДНК.

Разработаны и реализованы однофакторная и многофакторная модели данных микрочипов ДНК.

Разработан программный пакет GeneExpressionAnalyser, интегрирующий основные этапы анализа микрочипов ДНК, методы моделирования данных.

Работоспособность программного пакета GeneExpressionAnalyser подтверждена на примерах анализа смоделированных и опубликованных экспериментальных данных.

ABSTRACT

Diploma contains 79 pages, 7 tables, 11 figures and 76 sources.

DNA MICROARRAY, MICROARRAY ANALYSIS METHODS, DATA MINING, SOFTWARE, SIMULATION MODEL, BIOLOGICAL OBJECTS, GENE, BIOFUNCTIONS

Objects of research are DNA microarray data, as well as methods of analysis and modeling microarray data, existing software solutions for analysis of microarray data.

The purpose of this study is to develop an integrated software for modeling and analysis of the DNA microarray data.

The investigation of algorithms and methodologies for processing DNA microarray has been performed; the most effective methods of analysis have been integrated in the software package.

The analysis of existing software packages and data processing environments for DNA microarrays analysis have been carried out.

Single variate and multivariate models of DNA microarray data have been developed and implemented.

The developed software GeneExpressionAnalyser integrates all the main stages of DNA microarray analysis, data modeling techniques.

Performance of the software package GeneExpressionAnalyser was confirmed by analyzing the simulated and published experimental data.