

- химического осаждения пленок $\text{SiH}_x\text{:H}$, содержащих нанокластеры кремния // Физика и техника полупроводников, 2009. Т. 43, С. 1557.
2. Насыров К. А., Гриценко В. А., Новиков Ю. Н., Гриценко Д. В., Ли Д. В. Механизм переноса заряда в нитриде кремния: эффект Френкеля, или многофононный механизм ионизации ловушек // Известия Российского государственного педагогического университета им. А.И. Герцена, 2005, Т. 5, С. 147 – 153.
 3. Kim T. W., Cho C. H., Kim B. H., Park S. J. Quantum confinement effect in crystalline silicon quantum dots in silicon nitride grown using SiH_4 and NH_3 // Appl. Phys. Lett., 2006. Vol. 88. P. 123102-1–123102-3.
 4. Sahu Bh.Sh., Delachat F., Slaoui A., Carrada M., Ferblantier G., Muller D. Effect of annealing treatments on photoluminescence and charge storage mechanism in silicon-rich $\text{SiN}_x\text{:H}$ films // Nanoscale Res. Lett., 2011. Vol. 6. P. 178–188.
 5. Pei Z., Chang Y. R., Hwang H. L. White electroluminescence from hydrogenated amorphous- SiN_x thin films // Appl. Phys. Lett., 2002. Vol. 80. P. 2839 – 2841.

РАСПРАЦОЎКА АЛГАРЫТМАЎ АНАЛІЗА ДВУХКАНАЛЬНЫХ БІЯЧЫПАЎ ДНК

А. С. Свідрыцкі

1. УСТУП

Біячыпы — гэта адзін з найновых прылад біялогіі і медыцыны 21 стагоддзя, якія ўяўляюць сабой мікраматрыцы, у ячэйках якіх размяшчаюць біялагічныя мікрааб'екты для даследвання. Вынайздзены біячыпы былі ў канцы 90-х гадоў у ЗША і Расіі. У наш час яны актыўна вырабляюцца некалькімі амерыканскімі біятэхналагічнымі фірмамі. Вырабляюць біячыпы таксама і ў Расіі, у Цэнтры біялагічных мікрачыпаў Інстытута малекулярнай біялогіі РАН [11].

Даследчыкі ва ўніверсітэтах і ў фармакалагічных фірмах праводзяць на чыпах адначасны аналіз працы тысяч і дзясяткаў тысяч генаў і параўноўваюць экспрэсію гэтых генаў у здаровых і ў ракавых клетках. Такія даследаванні дапамагаюць ствараць новыя лекавыя прэпараты і хутка высвятляць, на якія гены і якім чынам гэтыя лекі ўплываюць [11].

Аднак аналіз біячыпаў патрабуе пастаяннага удасканалення алгарытмаў для больш якаснага вымання інфармацыі з дадзеных [1, 2].

Важным этапам з'яўляецца распрацоўка алгарытма аналізу менавіта выяваў біячыпаў [7]. Вялікая колькасць даследаванняў праводзіцца дзеля кантролю якасці спотаў мікраматрыцаў, уключаючы фільтрацыю [1], працэдуру нармалізацыі [5], карэкцыю прапушчаных значэнняў [5, 8], параўнанне розных алгарытмаў ацэнкі якасці плямаў [3]. Аднак, усё яшчэ бракуе адзінай і стандартызаванай metodyкі для аналізу выяваў мікраматрыцаў з дапамогай прасунутых аўтаматызаваных алгарытмаў, што запавольвае актыўнае ўкараненне біячыпаў для вырашэння праблемаў біялогіі і медыцыны.

Мэта работы: правесці аналіз выяваў біячыпаў ДНК.

Задачы: даследваць эксперыментальныя дадзеныя, методыку аналізу выяваў двухколерных біячыпаў ДНК, выканаць аналіз эксперыментальных дадзеных, правесці дыферэнцыяльны аналіз дадзеных.

2. ЭКСПЕРЫМЕНТ

Пасля падрыхтоўкі двухканальнага мікрачыпа (сам выраб, нанясенне доследнага геному ці іншых магчымых біялагічных аб'ектаў, нанясенне флуарэсцэнтных метак[9]) атрымоўваюць яго выяву, якая складаецца з чырвонага і зялёнага каналаў, пасля сумяшчэння якіх атрымаем больш-менш выяўлены чырвоны колер для выяўленага гена, зялёны, калі ген прыгнечаны і жоўты, калі ген паводзіць сябе нейтральна (малюнак 1).

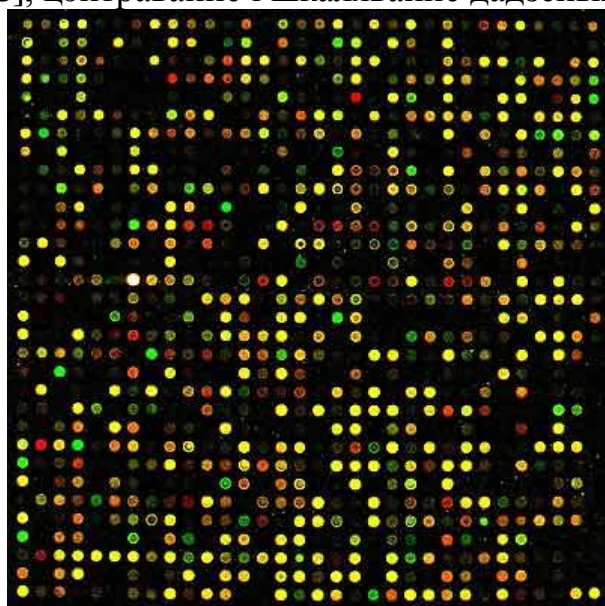
Першым этапам аналізу з'яўляецца загрузка выяваў і іх апісальных файлаў у спецыялізаваную праграму для апрацоўкі выяваў, напрыклад, GenePix ці MAIA[1, 2]. Пасля ідзе аналіз выявы і атрыманне лікавых дадзеных. Потым над атрыманымі дадзенымі праводзіцца папярэдняя апрацоўка. Пасля гэтага метадамі інтэлектуальнага аналізу дадзеных атрымаем спіс дыферэнцыяльна-выяўленых генаў. Затым робіцца пошук біялагічна значных генаў і іх аналіз. Апошнім этапам будзе праверка знойдзеных генаў біялагічнымі метадамі (напрыклад, ПЦР[1]). У маёй рабоце былі выкананы этапы ад загрузкі выяваў да атрымання спіса выяўленых і прыгнечаных генаў.

3. РАСПРАЦАОЎКА АЛГАРЫТМА АНАЛІЗА МІКРАЧЫПАЎ

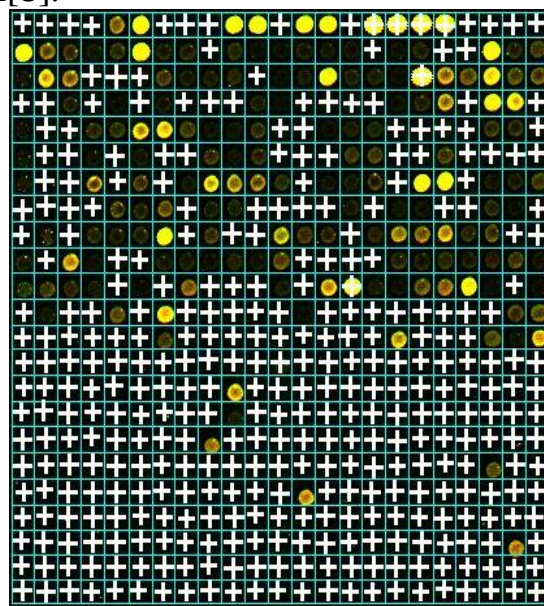
Пакет MAIA, які я абраў для аналіза выяваў па шэрагу яго пераваг [1], з'яўляецца поўнафункцыянальным ПЗ для аўтаматычнай апрацоўкі выяваў двухкаляровых мікрачыпаў. MAIA дазваляе нанесці на выяву мікраматрыцы сетку і адрэгуляваць карэктна яе межы, затым вызначыць колькасныя параметры спотаў (фарміруе лікавыя суадносіны паміж каналамі двума падыходамі: разлік нахілу лініі рэгрэсіі двух каналаў і суаднясенне інтэнсіўнасцяў каналаў [10]; вынік абодвух падыходаў пры наяўнасці якаснага спота амаль што аднолькавы), і апошнім этапам работы праграмы з'яўляецца разлік статыстычных параметраў, якія ўказваюць на якасць кожнага спота: каэфіцыент карэляцыі, статыстыка Дэרבіна-Ўотсана, узровень забруджанасці, дыяметр, геаметрычная сіметрыя, сіметрыя інтэнсіўнасці, каэфіцыент варыяцыі дзвух ацэнак адносінаў інтэнсіўнасцяў, аднароднасць фона вакол спота, абсалютная аднароднасць фона вакол кожнага асобнага спота і узровень сігналу [2,

10]. Мая работа ўключала наладжванне кожнага параметра так, каб у выніковыя лікавыя дадзеныя не былі ўключаны неякасныя споты, але пры тым не былі страчаны інфарматыўныя (малюнак 2).

На выхадзе праграмы MAIA былі атрыманы лікавыя дадзеныя з шэрагам атрыбутаў [10] ў выглядзе тэкставага файла, над якімі затым была прароблена папярэдняя апрацоўка з дапамогай MS Excel і яго надбудовай SAM (Significant Analysis of Microarray). Парадак апрацоўкі: фільтрацыя дадзеных нізкай якасці (MAIA пазначае, як Flag = 0, у файле .txt), нарміроўка дадзеных [4], фільтрацыя дадзеных з вялікай колькасцю пропускаў (больш за 33%) [9], карэкцыя прапушчаных значэнняў [5, 6, 8], цэнтраванне і шкаляванне дадзеных [8].



Мал. 1. Выява мікрачыпа з зялёнымі, чырвонымі і жоўтымі спотамі

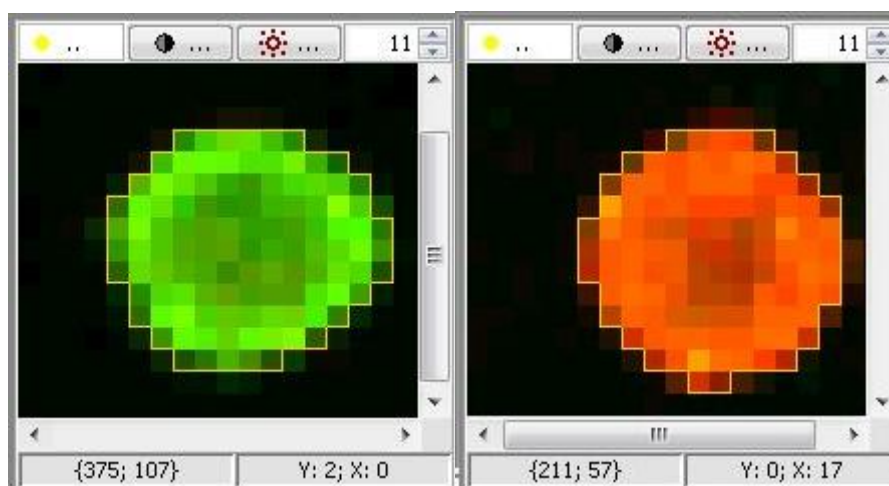


Мал. 2. Прыклад неякаснага блока мікрачыпа. Белымі крыжыкамі пазначаны споты, якія будуць выдалены з разгляду праграмай MAIA

З дапамогай SAM атрыманы спіс дыферэнцыяльна выяўленых генаў.

4. ВЫНІКІ

Дыферэнцыяльны аналіз даў 543 гена, з іх 243 выяўленых і 300 прыгнечаных. Для нагляднасці дзье выявы выяўленага і прыгнечанага генаў былі знойдзены на выяве мікрачыпа. (малюнак 3). Дадзеныя гены прыдатныя для далейшай працы: вызначэнне функцыянальнай катэгорыі кожнага гена і пацвярджэнне біялагічнымі метадамі кампутарнага эксперыменту (апошнія праводзіцца біёлагамі).



Мал. 3. Выявы спотаў для яўна прыгнечанага (злева) і выяўленага (справа) генаў

Алгарытм апрацоўкі можна палепшыць за кошт больш гібкіх падыходаў на этапе папярэдняй апрацоўкі з дапамогай пакета *limma*, які рэалізаваны на мове праграмавання R, альбо *Bioinformatics Toolbox* у *MATLAB*, якія напісаны адмыслова для аналізу біячыпаў. Гэтыя пакеты прапануюць для кожнага крока папярэдняй апрацоўкі разнастайныя наборы метадаў[5], што дае магчымасць наладжваць апрацоўку у залежнасці ад тыпу і якасці мікрачыпа, а таксама згодна з мэтамі даследчыка.

Далейшае удасканаленне алгарытмаў для аналізу біячыпаў будзе падвышаць імавернасць пашырэння іх ўжывання ў медыцыне і біялогіі.

Літаратура

1. Advanced spot quality analysis in two-colour microarray experiments / Mikalai Yatskou [et al.] // BMC Research Notes – 17.09.2008 – 1:80.
2. An algorithm for automatic evaluation of the spot quality in two-color DNA microarray experiments / Novikov E, Barillot E // BMC Bioinformatics – 2005 – 6:293.
3. ATF File Formats [Electronic resource] – Mode of acces: http://sablabb.net/students/ATF_FileFormats.pdf – Date of access: 25.05.2014.
4. Comparison of normalization methods for CodeLink Bioarray data / Wei Wu [et al.] // BMC Bioinformatics – 28.12.2005 – 6:309.
5. *limma: Linear Models for Microarray Data. User's Guide* [Electronic resource] – 12 April 2014 – Mode of acces: <http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/limma/inst/doc/usersguide.pdf> – Date of access: 25.05.2014.
6. SAM “Significance Analysis of Microarrays” Users guide and technical document / Gil Chu [et al.] – [Electronic resource] – Mode of access: <http://statweb.stanford.edu/~tibs/SAM/sam.pdf> – Date of access: 25.05.2014.
7. Software package for automatic microarray image analysis (MAIA) / Novikov E., Barillot E. // BMC Bioinformatics – 2007 – 23(5):639-640.
8. *Speed, T., Statistical Analysis of Gene Expression Microarray Data: Clustering Microarray Data* / A. Lehmußola // STATISTICAL METHODS FOR MICROARRAY DA-

- TA ANALYSIS, Spring 2005 [Electronic resource] - Mode of access: <http://www.cs.tut.fi/~harrila/teaching/>.
9. Microarray Technology and Data Analysis (November 28, 2007) / Dong-Guk Shin, J Peter Gogarten [Electronic resource] – Mode of access: <http://www.slidefinder.net/m/microarray/microarray/30220285> – Date of access: 26.05.2014.
10. User Manual MAIA 2.75 / E. Novikov, E. Barrilot - [Electronic source] - Mode of access: <http://bioinfo.curie.fr/projects/maia/doc/MAIA%20275%20UserManual.pdf> - Date of access: 25.05.14.
11. Экспрессия генов и микрочипы: проблемы количественного анализа / Свешникова А.Н., Иванов П.С. // Рос. Хим. Ж., – 2007. – № 1. – С. 127-135.

ЭНЕРГЕТИЧЕСКИЙ РАСЧЕТ ТРАКТА ЦИФРОВОГО СПУТНИКОВОГО ТЕЛЕВИЗИОННОГО СИГНАЛА

А. С. Чаплинская

1. ВВЕДЕНИЕ

В настоящее время во всём мире все шире используется цифровой формат передачи спутниковой информации. В частности, в Беларуси в 2015 году планируется повсеместный переход на цифровое спутниковое телевидение. Несмотря на плотное покрытие в городах абонентского Интернета и кабельного ТВ, в тех случаях, когда люди хотят смотреть каналы, которые не включены в пакет аналогового телевидения в данной местности или в отдалённых точках, где невыгодно прокладывать ТВ кабель, целесообразно и выгодно использовать цифровое спутниковое телевидение (ЦСТ). Поэтому разработка методов и средств повышенного качества приёма ЦСТ является актуальной задачей.

2. МАТЕМАТИЧЕСКАЯ МОДЕЛЬ ДЛЯ ЭНЕРГЕТИЧЕСКОГО РАСЧЁТА ПРИЕМНОГО ТРАКТА ЦИФРОВОГО ВИДЕОСИГНАЛА

Линия спутниковой связи состоит из двух участков: Земля - спутник и спутник-Земля. Основной их особенностью является большая физическая протяжённость и, как следствие этого, возникновение значительных потерь сигнала, обусловленных затуханием его энергии в пространстве. На приёмное устройство спутника и земной станции кроме собственных флуктуационных шумов воздействуют разного рода помехи в виде излучения Космоса, Солнца, планет и атмосферных газов. Правильный учёт влияния всех факторов позволяет оптимально спроектировать систему, обеспечить её уверенную работу в наиболее трудных условиях и в то же время исключить излишние энергетические затраты, которые могут при-