ЈАСОВІ 4: БАЗОВЫЕ АЛГОРИТМЫ МНОГОМЕРНОГО АНАЛИЗА, СПЕЦИАЛЬНЫЕ БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ.

Д. А. Полунин Институт цитологии и генетики СО РАН Новосибирский государственный университет

Современные статистические пакеты и специализированные программные средства для многомерного статистического анализа микрочиповых данных имеют ряд серьезных недостатков. Основной проблемой является закрытая реализация и невозможность расширения функционала пакета необходимыми методами.

Зачастую пользователям приходится вручную делать вспомогательные операции, которые приводят файл к определенному виду. Например, сортировку столбцов или строк по значению ключей, удаление строк с нечисловыми значениями, перемена строк местами и т.д. Кроме того, ввиду недостаточности функционала большинства существующих решений, пользователи вынуждены использовать сразу несколько программных средств для обработки своих данных.

Пакет JACOBI 4 ориентирован на то, чтобы автоматизировать действия по обработке многих файлов. Формат входных файлов стандартизирован (CSV) поддерживается большинством существующих Благодаря сравнительной простоте скриптового языка, пользователь может легко собрать нужную ему последовательность образом, JACOBI4 спроектирован таким чтобы пользователь самостоятельно добавлять в него функционал. [1]

В рамках работы над проектом реализовано более 20 вспомогательных операций, а так же следующие алгоритмы многомерного анализа: PCA, PCO, LDA, SVD, NMDS, множественная линейная регрессия, нейронные сети с обратным распространением ошибки, квантильное выравнивание и тест Мантеля.

Научный руководитель – д-р биол. наук, доцент В. М. Ефимов

^{1.} Ефимов В.М., Агбаш И.А., Полунин Д.А., Суслопаров Д.С, Штайгер И.А. «Программно-алгоритмической комплекс для многомерного анализа микрочиповых данных», материалы ІІ Международной научнопрактической конференция «Посттеномные методы анализа в биологии, лабораторной и клинической медицине: геномика, протеомика, биоинформатика», Новосибирск: изд-во СО РАН, 2011.-С.120.