

**POLITECHNIKA BIAŁOSTOCKA**

**WYDZIAŁ INFORMATYKI**

**KATEDRA OPROGRAMOWANIA**

**PRACA DYPLOMOWA MAGISTERSKA**

TEMAT: .....  
.....

WYKONAWCA: .....

PODPIS: .....

PROMOTOR: dr inż. Marek Krętowski

**BIAŁYSTOK 2006 r.**

## Karta dyplomowa

POLITECHNIKA BIAŁOSTOCKA		Nr albumu studenta.....
Wydział Informatyki	Studia stacjonarne	Rok Akademicki 2005/2006
Katedra Oprogramowania	magisterskie jednolite	Kierunek studiów Informatyka Specjalność Inżynieria Oprogramowania

**imię i nazwisko**

**TEMAT PRACY DYPLOMOWEJ:**  
 .....

Zakres pracy:

1. ....

2. ....

3. ....

.....  
 Imię i nazwisko promotora - podpis

.....  
 Imię i nazwisko kierownika katedry - podpis

..... Data wydania tematu pracy dyplomowej - podpis promotora	..... Regulaminowy termin złożenia pracy dyplomowej	..... Data złożenia pracy dyplomowej - potwierdzenie dziekanatu
---	---	---

..... Ocena promotora	..... Podpis promotora
--------------------------	---------------------------

..... Imię i nazwisko recenzenta	..... Ocena recenzenta	..... Podpis recenzenta
-------------------------------------	---------------------------	----------------------------

# Spis treści

<b>Wstęp</b>	<b>2</b>
<b>1 Wprowadzenie do bioinformatyki</b>	<b>3</b>
1.1 Ekspresja genów . . . . .	3
<b>2 Technologia mikromacierzowa</b>	<b>4</b>
2.1 Rodzaje mikromacierzy i ich uzyskiwanie . . . . .	5
<b>3 Podsumowanie</b>	<b>7</b>
<b>A Instrukcja użytkowania aplikacji <i>ABC</i></b>	<b>8</b>

# Wstęp

Ten szablon został opracowany przez R. Gogolewskiego i E. Kotowskiego. Nie należy go traktować jako obowiązujący wzorzec, ale raczej jako przykładowe rozwiązanie.

The main matter is initiated with the command `\mainmatter`

Specifically, this command starts the main body of the thesis on arabic page 1.

Standard L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X sectioning commands can be used thereafter; for example:

- `\chapter{Chapter title}` Produces a numbered chapter section.
- `\section{Section title}` Produces a numbered section of a given chapter.
- `\subsection{Subsection title}` Produces a numbered subsection of a given section.
- `\appendix` Place this command before your first appendix chapter. Use the `\chapter` command thereafter. Appendix sections are numbered „A”, „B” etc.

The dalthesis class also provides the following command. `\nonumchapter{Title}` Produces a chapter section that is not numbered, which may be appropriate for an introductory chapter. This is used in the same way as the `\chapter` command.

Standard L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X provides `\chapter*`, which is similar to `\nonumchapter` in that it produces an unnumbered chapter section. However, `\nonumchapter` produces an entry in the table of contents; `\chapter*` does not [8].

# Rozdział 1

## Wprowadzenie do bioinformatyki

**Przykład wypunktowania** Współczesna bioinformatyka skupia się na takich zagadnieniach jak:

- Porównywanie sekwencji kodu genetycznego.
- Badanie poziomu ekspresji genów.
- Odkrywanie funkcji genów.
- Badanie struktur białkowych.
- Tworzenie baz danych i wydobywanie z nich informacji.

### 1.1 Ekspresja genów

Ekspresja genów określana jest jako proces komórkowy, w którym ....[1]

## Rozdział 2

# Technologia mikromacierzowa

Obrazek w formacie **\*.png** potrzebuje drugiego pliku o tej samej nazwie co nasz plik graficzny, ale o rozszerzeniu **\*.bb** i treści `%%BoundingBox: 0 0 x y`, gdzie  $x$  i  $y$  to rozmiary obrazka.



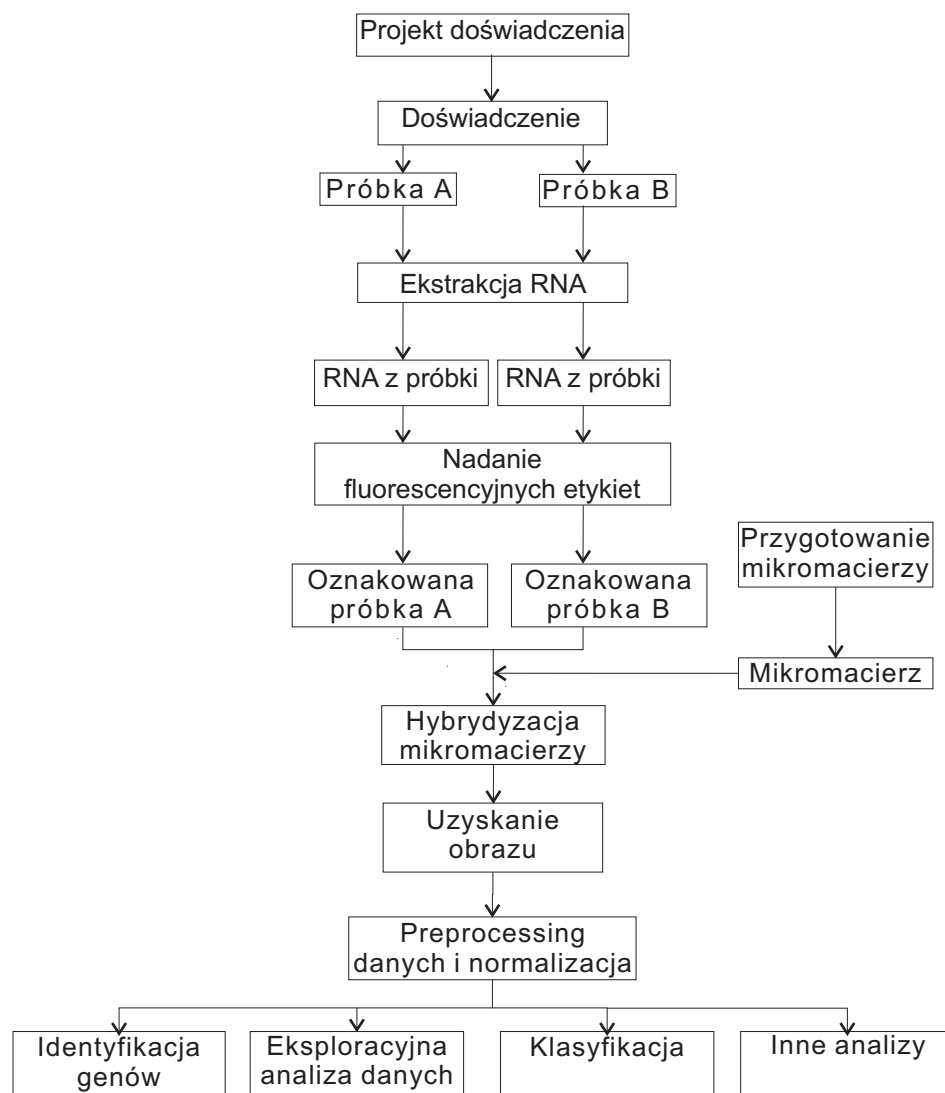
Rysunek 2.1: Przykładowa mikromacierz oligonukleotydów, czyli Gene Chip firmy Affymetrix.

Dzięki nadaniu etykiety poleceniem `\label{etykieta}` możemy się odnieść do ry-

sunku 2.1 poprzez \ref{etykieta}. Podobne zasady dotyczą wypunktowania, rozdziałów...

## 2.1 Rodzaje mikromacierzy i ich uzyskiwanie

Dołączenie rysunku w formacie \*.eps



Rysunek 2.2: Typowy przebieg zdarzeń dla eksperymentu z wykorzystaniem mikromacierzy cDNA [5].

Rysunek 2.2 to prosty schemat.

**Przykład wyliczania**

Do podstawowych dążeń podczas analizy ekspresji genów należą:

1. Grupowanie genów według ich ekspresji w różnych warunkach.
2. Klasyfikacja nowego genu, mając daną ekspresję innych genów oraz znając podział na grupy.
3. Grupowanie warunków opierając się na ekspresji pewnej liczby genów.
4. Klasyfikacja nowej próbki, mając daną ekspresję genów w danych warunkach eksperymentalnych.

*Przykład wzoru*

Odległość euklidesową pomiędzy dwoma  $p$ -wymiarowymi obserwacjami  $x = [x_1, x_2, \dots, x_p]$  i  $y = [y_1, y_2, \dots, y_p]$  oblicza się następująco:

$$d(x, y) = \sqrt{(x_1 - y_1)^2 + (x_2 - y_2)^2 + \dots + (x_p - y_p)^2}$$

Ogólny wzór na dystans, który nazywany jest normą  $L_N$ , pomiędzy obiektem  $x$  i obiektem/centroidem  $y$  jest następujący [4, 6]:

$$L_N(x, y) = \left[ \sum_{i=1}^p |x_i - y_i|^N \right]^{1/N}$$

**Przykład tabelki**

Przypadek	$X_1$	$X_2$
A	6	40
B	3	100
C	10	70
D	1	30
E	8	50

Grupa	$\bar{x}_1$	$\bar{x}_2$
(AB)	$\frac{6+3}{2} = 4,5$	$\frac{40+100}{2} = 70$
(CDE)	$\frac{10+1+8}{3} = 6\frac{1}{3}$	$\frac{70+30+50}{3} = 50$



## Rozdział 3

## Podsumowanie

## Dodatek A

### Instrukcja użytkowania aplikacji *ABC*

# Bibliografia

- [1] T.A. Brown, *Genomy*, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2001.
- [2] T.R. Golub, D.K. Slonim, P. Tamayo, C. Huard, M. Gaasenbeek, J.P. Mesirov, H. Coller, M.L. Loh, J.R. Downing, M.A. Caliguri, C.D. Bloomfield, and E.S. Lander, *Molecular classification of cancer: Class discovery and class prediction by gene expression monitoring*, Science **286** (1999), 531–7.
- [3] Isabelle Guyon, Jason Weston, Stephen Barnhill, and Vladimir Vapnik, *Gene selection for cancer classification using support vector machines*, Machine Learning **46** (2002), no. 1-3, 389–422.
- [4] Richard A. Johnson and Dean W. Wichern, *Applied multivariate statistical analysis*, Prentice-Hall International Editions, 1992.
- [5] Yuk Fai Leung and Duccio Cavalieri, *Fundamentals of cDNA microarray data analysis*, TRENDS in Genetics **19** (2003), 649–659.
- [6] Brian T. Luke, *Distances in clustering*, <http://fconyx.ncifcrf.gov/~lukeb/clusdis.html>.
- [7] Sara C. Madeira and Arlindo L. Oliveira, *Biclustering algorithms for biological data analysis: A survey*, IEEE Transactions on Computational Biology and Bioinformatics **1** (2004), 24–45.
- [8] Steven Matheson and Clyde Clements, <http://www.mathstat.dal.ca/~clyde/dal-thesis/dalthesissu2.html>.