

могут быть изучены автоматически через сеть, вместо того чтобы разрабатываться вручную. Кроме того, глубокая нейронная сеть также может извлекать высокоуровневое представление на глубоком уровне, что делает ее более подходящей для сложных задач распознавания активности.

Модели сверточной нейронной сети (СНС), представляют собой тип глубокой нейронной сети, которая была разработана для использования с данными изображения, например, такими как распознавание рукописного ввода. Они доказали свою высокую эффективность в решении сложных задач компьютерного зрения, когда их масштабно обучали для таких задач, как идентификация и локализация объектов на изображениях и автоматическое описание содержимого изображений.

В итоге СНС могут применяться к данным распознавания человеческой деятельности. Модель СНС учится отображать заданное окно данных сигнала на действие, при котором модель считывает каждое окно данных и подготавливает внутреннее представление окна. Были разработаны довольно большие модели СНС, которые позволили претендовать на самые современные результаты по сложным стандартным наборам данных распознавания человеческой деятельности.

1. Deep learning for sensor-based activity recognition: A survey / Jindong Wang, Yiqiang Chen, Shuji Hao, Xiaohui Peng, Lisha Hu // Pattern Recognition Letters. March 2019. Vol. 119, P. 3-11

ОБРАБОТКА СИГНАЛОВ ПЛАВЛЕНИЯ ФРАГМЕНТОВ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ

Белов Д.А.¹, Белов Ю.В.¹

- ¹) Институт аналитического приборостроения Российской академии наук (ИАП РАН), Санкт-Петербург, Россия
E-mail: belov.da@list.ru

NUCLEIC ACID FRAGMENTS MELTING SIGNALS PROCESSING

Belov D.A.¹, Belov Yu.V.¹

- ¹) The Institute for Analytical Instrumentation of the Russian Academy of Sciences (IAI RAS), St. Petersburg, Russia

The paper proposes a new technique of DNA molecules melting signals processing based on the compensation of the dye fluorescence intensity dependence on temperature and the melting signals modeling with an improved nonlinear S-shaped function.

Анализаторы нуклеиновых кислот на основе метода полимеразной цепной реакции в реальном времени (ПЦР-РВ) широко используются для анализа специфических последовательностей нуклеиновых кислот (НК). После проведения анализа ПЦР-РВ анализаторы позволяют выполнить в тех же пробирках анализ методом плавления молекул ДНК. Полученные в результате такого анализа графики плавления продуктов амплификации представляют собой S-образную зависимость измеренной величины флуоресцентного отклика от температуры образца.

В результате анализа методом плавления определяется температура плавления ДНК T_m , которая зависит от длины и состава исследуемого фрагмента ДНК, что позволяет ей служить критерием для сравнения исследуемых образцов с контрольными образцами и между собой [1]. Однако зависимость температуры плавления от концентрации солей и рН растворов образцов предъявляет жесткие требования к подготовке пробы. Дополнительным критерием плавления ДНК может служить интервал плавления ΔT , способный уменьшить влияние свойств анализируемого раствора на результаты анализа [2]. Нормализация графиков плавления, требуемая для определения интервала плавления, является нетривиальной задачей, поскольку графики содержат базовые линии сложной формы [3]. Известны методики аппроксимации графиков плавления различными модельными функциями [4, 5], позволяющие определить значение температуры T_m и не требующие предварительной нормализации. Авторами предлагается методика обработки данных Melting DT, позволяющая определить не только температуру плавления, но и интервал плавления ДНК ΔT .

Методика Melting DT включает в себя частичную нормализацию графиков плавления на основе компенсации зависимости интенсивности флуоресценции красителя от температуры и моделирование сигналов плавления усовершенствованной нелинейной S-образной функцией, при этом достигается полная нормализация сигналов. Значение температуры плавления T_m параметрически заложено в предложенную модель. Интервал плавления ΔT вычисляется на основе параметров модели как функция максимальной производной сигнала плавления по температуре.

С использованием этой методики на анализаторе нуклеиновых кислот АНК-32 проведен анализ методом плавления 3 известных образцов ДНК (по 4 пробы каждый). При использовании анализаторов нуклеиновых кислот серии АНК, которые серийно выпускаются в ИАП РАН, методика позволяет методом плавления подтверждать достоверность результатов анализа ПЦР-РВ. Оценка погрешностей измерения температуры плавления T_m позволяет сделать вывод о том, что анализатор нуклеиновых кислот АНК-32 совместно с методикой Melting DT соответствует требованиям методики плавления ДНК высокого разрешения.

Работа выполнена в рамках государственного задания № 075-01073-20-00 Министерства науки и высшего образования РФ.

1. Курочкин В.Е., Белов Д.А., Белов Ю.В., Зубик А.Н., Научное приборостроение, 30(2), 10–16 (2020).
2. Веденов А.А., Дыхне А.М., Франк-Каменецкий М.Д., Успехи физических наук, 105, С. 479-519 (1971).
3. Palais R., Wittwer C.T., Methods Enzymol, 454, 323-43, (2009).
4. Белов Д.А., Корнева Н.А., Альдекеева А.С., Белов Ю.В., Киселев И.Г., Научное приборостроение, 26(2), 17–22 (2016).
5. Белов Д.А., Белов Ю.В., Широкоград А.Л., Научное приборостроение, 28(2), 11–19 (2018).

МОДЕЛЬ ДВИЖЕНИЯ ПРОТОКЛЕТОК, ОСНОВАННАЯ НА АКТИВНОМ ТРАНСПОРТЕ ВЕЩЕСТВ ЧЕРЕЗ МЕМБРАНУ

Мелких А.В.¹, Бондарь В.В.¹

¹) Уральский федеральный университет имени первого Президента России
Б.Н. Ельцина

E-mail: muksun20001@gmail.com

MODEL OF PROTOCELL MOVEMENT BASED ON ACTIVE TRANSPORT OF SUBSTANCES THROUGH THE MEMBRANE

Melkikh A.V.¹, Bondar V.V.¹

¹) Ural Federal University named after the First President of Russia B. N. Yeltsin

In this paper, a physicochemical model of the movement of protocells is constructed, the main mechanism of movement of which is the active transport of ions through the membrane. The motion model is based on the models of active ion transport in various cell types proposed earlier.

Механизмы движения протоклеток на ранних стадиях эволюции жизни остаются предметом дискуссий. Построение теоретических моделей такого движения является актуальным, поскольку экспериментальная реализация условий на ранних стадиях эволюции затруднена.

В данной работе построена физико-химическая модель движения протоклеток, основным механизмом движения которых является активный транспорт ионов через мембрану. Модель движения основана на моделях активного транспорта ионов в различных типах клеток, предложенных ранее [1, 2].

Основным предположением модели является то, что протоклетка могла иметь асимметричную структуру: с одной стороны переносить ионы внутрь клетки активно (за счет энергии гидролиза АТФ), а с другой стороны транспортировать их пассивно в окружающую среду. В результате такого переноса должен возникать импульс отдачи, который приводит к движению самой клетки. В результате про-