

**ПРОГРАММА ДЛЯ ОБРАБОТКИ ПОЛУЧЕННЫХ ДАННЫХ С ПОМОЩЬЮ
ДИАГНОСТИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ ПАТОГЕНА *HELICOBACTER PYLORI***

Завируха Д.А. (Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Национальный исследовательский университет ИТМО»), **Богданов**

П.А. (Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Национальный исследовательский университет ИТМО»

Научный руководитель – доцент, к.ф-м.н. Виткин В.В.

(Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Национальный исследовательский университет ИТМО»)

Была написана программа, позволяющая обрабатывать полученные экспериментальные данные на диагностической системе для вызванных патогеном *Helicobacter pylori* заболеваний желудочно-кишечного тракта.

Введение. Рамановская спектроскопия, является неинвазивным методом анализа и позволяет одновременно определять изотопный состав нескольких веществ в исследуемой газовой пробе и может быть применена для анализа выдыхаемого человеком воздуха и диагностики заболеваний. Определение наличия патогенна *Helicobacter pylori* у пациента осуществляется за счёт сравнения отношения объёмной доли изотопологов углерода ^{12}C и ^{13}C в выдыхаемом человеком воздухе до и после принятия изотопно-меченой мочевины. Наличие бактерии в желудке определяет повышение доли углерода ^{13}C в образце после принятия изотопно-меченой мочевины. Разработанная программа позволяет обрабатывать полученные данные и получать неопределенность величины $\delta^{13}\text{C}$, которая в свою очередь выявляет образец выдоха человека с патогеном *Helicobacter pylori*.

Основная часть. Для обработки результатов был применен метод обработки экспериментальных данных, основанный на вычислении площади под пиком рамановского рассеяния с предварительным вычитанием базовой линии. Для осуществления обработки была написана программа на языке Python. Использование такого подхода позволило уменьшить относительное стандартное отклонение (ОСКО) измеряемой величины в среднем на 20% в 4 сериях по 10 измерений. Написанная программа позволяет строить калибровочные прямые и вычислять сигнал (площадь под пиком) рамановского рассеяния с предварительным вычитанием базовой линии. Полученные данные соотносятся с ранее полученной калибровочной функцией: определяется концентрация каждого изотополога в образце, и определяется доверительный интервал для вычисленного значения. Это позволяет определять неопределенность измерений, которая позволяет отличать образец выдоха здорового человека от образца выдоха, содержащего патоген *Helicobacter pylori*.

Выводы. Результаты обработки полученных данных показали, что распределение интенсивности по всем измерениям соответствует нормальному распределению, и описывается функцией Гаусса. Для каждого компонента смеси найдена неопределенность измерения, которая показывает распределение плотности вероятности для концентрации в соответствии с нормальным законом распределения. В соответствии с этим, при заданной неопределенности измерения возможно выявить наличие *Helicobacter pylori* у пациента.

Завируха Д.А. (автор)

Богданов П.А. (соавтор)

Виткин В.В. (научный руководитель)