

УДК 57.05;004.9

ПРОГРАММНЫЕ СРЕДСТВА ДЛЯ КОМПЛЕКСНОГО АНАЛИЗА ГЕННЫХ СЕТЕЙ**С.А. Лашин^{1,2}, З.С. Мустафин¹, В.И. Замятин^{1,2}, Д.А. Афонников^{1,2}, Ю.Г. Матушкин^{1,2}, Н.А. Колчанов^{1,2}**¹ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН; ²Новосибирский государственный исследовательский университет, Новосибирск, Россия

Среди типов сетей в биологии можно наблюдать очень высокое разнообразие, например, сети белок-белковых взаимодействий, регуляторных сети, сети коэкспрессии генов, метаболические и сигнальные пути, и многие другие. Отдельно отметим такой класс биологических сетей как генные сети (ГС). Генная сеть – это группа координированно-функционирующих генов, взаимодействующих друг с другом как через свои первичные продукты (РНК и белки), так и через разнообразные метаболиты и другие вторичные продукты функционирования генных сетей [1]. ГС используются во всё большем количестве областей современной биологии и являются более общим классом биологических сетей, чем метаболические и сигнальные пути, а также сети коэкспрессии генов (каждая из сетей перечисленного типа может быть представлена в виде ГС). Бурное развитие экспериментальных технологий в современной биологии привело к появлению огромных массивов данных, относящихся к разным аспектам функционирования живых систем – т.н. омиксных данных (геномные, транскриптомные, протеомные, метаболомные и т.п.). В работе приведены результаты разработки пилотной версии программной платформы для комплексного анализа, визуализации и моделирования ГС, расширяющей стандартную графовую модель ГС за счёт интеграции дополнительных слоёв данных, таких как данные о генетических полиморфизмах и дифференциальной экспрессии генов, данные Gene Ontology и других биологических онтологий, а также данные об эволюционных характеристиках генов. Прототип программной платформы реализован в виде распределённого сетевого приложения с возможностью доступа посредством REST API. В работе также приведены результаты верификации программной платформы на примере анализа генных сетей заболеваний человека, в частности, нарушений энергетического метаболизма. *Работа поддержана грантом РНФ 18-14-00293.*

Ключевые слова: компьютерное моделирование, комплексный анализ, генные сети, визуализация сложных данных, интеграция данных, базы данных.

Литература

1. Колчанов Н.А., Игнатьева Е.В., Подколюдная О.А., Лихошвай В.А., Матушкин Ю.Г. Генные сети // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2013. Т.17, 833-850.