

КОМПЬЮТЕРНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ АССОЦИАЦИЙ ЗАБОЛЕВАНИЙ КАК ОБОБЩЕНИЕ ГЕННЫХ СЕТЕЙ НА ПРИМЕРЕ ОПУХОЛЕЙ МОЗГА

Орлов Ю.Л., Красильникова А.А., Булгакова А.В., Майорова А.А., Соколова А.В.,
Варакина Э.С., Туркина В.А.

Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России (Сеченовский Университет),
Россия, 119991, г. Москва, ул. Трубецкая, д. 8, стр. 2.
Тел.:(495)609-14-00, E-mail: y.orlov@sechenov.ru

Компьютерные модели ассоциаций заболеваний, их фенотипов, лекарственных средств, а также генов и их белковых продуктов могут быть построены в форме структур графа. Такие исследования расширяют подходы к исследованиям генных сетей и метаболических путей. Визуализация сети, статистическое исследование структуры взаимодействий представляет собой отдельное математическое направление. Исследование структуры сети, выявление узловых компонент позволяет определить критические точки сети – в случае генной сети заболевания это наиболее важные гены, которые могут рассматриваться как потенциальные гены-мишени. Само понятие сети заболеваний (англ. Diseaseome), развивается в связи с исследованиями сетей разных типов, не только генных сетей, но и компьютерных сетей, сетей контактов в интернете, социальных сетей. Ассоциативные генные сети заболеваний могут быть построены с помощью анализа литературы, по упоминаниям в научных публикациях, и по экспериментальным данным (платформы GeneCards, MalaCards). В данной работе рассмотрена реконструкция генной сети для глиомы и опухолей мозга [1]. Сама классификация опухолей требует уточнения. Так, мультиформная глиобластома (англ. Glioblastoma multiforme, GBM) — наиболее частая и наиболее агрессивная форма опухоли мозга, которая составляет до 52% первичных опухолей мозга, реклассифицирована в современной медицинской литературе. Причина большинства случаев глиобластомы неизвестна. Нестандартными факторами риска являются генетические нарушения, такие как нейрофиброматоз и синдром Ли–Фраумени, а также предшествующая лучевая терапия. В рамках дипломных работ по цифровому обучению в Сеченовском Университете разрабатываются компьютерные модели заболеваний, основанные на компьютерной реконструкции генных сетей, описания списка ассоциированных генов и анализа самой структуры сети. Использовались онлайн-инструменты биоинформатики – STRING-DB (<https://string-db.org/>), GeneMANIA (<http://genemania.org/>), база данных OMIM (<https://omim.org/>). Для анализа категорий генных онтологий, связанных с заболеванием, использовались ресурсы DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/summary.jsp>) и PANTHER (<http://pantherdb.org/>).

Литература

1. Gubanova N.V., Orlova N.G., Dergilev A.I., Oparina N.Y., Orlov Y.L. Glioblastoma gene network reconstruction and ontology analysis by online bioinformatics tools // *Journal of Integrative Bioinformatics* Vol. 18, 2022. P. 20210031.