

КОМПЬЮТЕРНАЯ РЕКОНСТРУКЦИЯ ГЕННОЙ СЕТИ БОЛЕЗНИ ПАРКИНСОНА

Туркина В.А., Вишнякова Е.В., Орунбаева А.А., Соболева Л.П., Бурмистров Н.Д.,
Крючкова К.Ю., Голубева Е.А., Белова О.В., Орлов Ю.Л.

Институт Цифровой Медицины, Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России
(Сеченовский Университет), Россия, 119991, г. Москва, ул. Трубецкая, д. 8, стр. 2. Тел.:
+7 (495) 609-14-00, E-mail: y.orlov@sechenov.ru

Компьютерный анализ генов предрасположенности к комплексным заболеваниям с помощью открытых баз данных, онлайн инструментов биоинформатики, позволяет строить сложные модели прогрессии заболеваний, определять потенциальные гены-мишени для терапии. Рассмотрена реконструкция генной сети для генов, ассоциированных с болезнью Паркинсона — хронического нейродегенеративного заболевания. Несмотря на определенные успехи, достигнутые в изучении молекулярных и биохимических механизмов развития этого заболевания, остается много открытых вопросов, как по генетике заболевания, так и возможным способам терапии [1]. В рамках дипломных работ по цифровому обучению в Сеченовском Университете разработаны компьютерные модели болезни Паркинсона, основанные на реконструкции генной сети, описаны узловыe элементы сети – гены и их продукты.

Использовались онлайн-инструменты биоинформатики – STRING-DB (<https://string-db.org/>), GeneMANIA (<http://genemania.org/>), а также база данных OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man) (<https://omim.org/>). Поиск выполнялся по ключевому словосочетанию «parkinson disease» (болезнь Паркинсона). Для анализа категорий генных онтологий, связанных с заболеванием, использовались ресурсы DAVID (Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery) (<https://david.ncifcrf.gov/summary.jsp>).

Показано, то наиболее значимыми категориями для генов болезни Паркинсона являются паркинсонизм, нейродегенерация и клеточный ответ на окислительный стресс, а также регуляция программируемой клеточной смерти, регуляция апоптоза, положительная регуляция клеточных метаболических процессов. В рамках данной работы собрана функциональная аннотация основных генов, связанных с заболеванием. Была построена генная сеть. Найдены гены болезни Паркинсона, имеющие наибольшее число связей с другими элементами: SNCA, SNCA, CASP3, GFRA1, HTT, PARK7. Исследование структуры генной сети показывает высокую связность генов внутри определенных кластеров, связанных биологически генных продуктов.

Литература

1. Орлов Ю.Л., Галиева А.Г., Орлова Н.Г., Иванова Е.Н., Мозылева Ю.А., Анашкина А.А. Реконструкция генной сети болезни Паркинсона для поиска генов-мишеней // *Биомедицинская химия* том 67, выпуск 3, 2021. Стр. 222-230 doi: 10.18097/PBMC20216703222