

Секция «Вычислительная математика, математическое моделирование и численные методы»

Разработка программного комплекса для учета лабораторных животных

Научный руководитель – Воронин Анатолий Викторович

Фурта Елена Юрьевна

Аспирант

Петрозаводский государственный университет, Институт математики и информационных технологий, Петрозаводск, Россия

E-mail: lena-furta@rambler.ru

Исследования в области молекулярной генетики связаны с накоплением и хранением значительного объема данных, получаемых в ходе проведения экспериментов. Тем не менее, каждое отдельное исследование требует подбора форматов хранения данных и программного обеспечения для их обработки.

Разработка программного комплекса для учета лабораторных животных проводилась в рамках НИР, выполняемых лабораторией молекулярной генетики врожденного иммунитета Петрозаводского государственного университета. Одним из направлений проводимых работ является выявление участков генома, обуславливающих высокую чувствительность человека к септическому шоку, с использованием мышинной модели. Для поиска участков генома, обуславливающих чувствительность к TNF (tumor necrosis factor), был использован метод генетического анализа, т.е. скрещивание особей противоположного фенотипа и анализ получаемого потомства.

В ходе предварительной обработки данных обнаружилось, что природа резистентности и чувствительности сложная и не может быть объяснена одним геном [1]. Более того, исследование генетических данных потомков без учета генетики «родителей» не позволяет точно определить важность наследования отдельных участков генома. Поэтому в системе реализованы методы хранения и визуализации родословной животного, что позволяет отследить изменения генотипа в нескольких поколениях.

Для количественных исследований генетической и фенотипической информации требуется применение базовых статистических процедур. В системе имеется возможность построения таблицы сопряженности признаков и расчет статистики ХИ-квадрат и ранговой корреляции по маркерам. Также формируются следующие отчеты:

- «Анализ выживаемости» демонстрирует количество выживших и умерших потомков (в первом поколении) от указанных родителей;
- «Анализ выживаемости потомства» демонстрирует количество выживших или умерших потомков по отцу или матери в каждом поколении;
- «Выживаемость линий» демонстрирует количество самцов и самок в каждой линии и выживаемость особей в линии;
- «Выживаемость линий по родителям» содержит информацию о линии родителей, линии детей, количестве детей и выживаемости родителей и детей;
- «Распределение маркеров по поколениям» отображает график количества значений по каждому маркеру в конкретном поколении.

Для более детальных исследований возможна выгрузка данных во внешние системы и дальнейшее использование пакетов статистической обработки данных.

Также системе реализованы различные справочники и журнал учета лабораторных животных. Система имеет централизованное хранилище данных и удобный пользовательский интерфейс. В настоящее время программный комплекс внедрен в эксплуатацию, база данных содержит данные более чем 5000 животных.

Источники и литература

- 1) Volkova T., Furta E., Dmitrieva O., Shabalina I. Pattern Building Methods in Genetic Data Processing // Journal on Selected Topics in Nano Electronics and Computing. 2014. Vol. 2. № 1. P. 2–6. URL: http://jstnec.petrso.ru/journal/article_en.php?id=3041&seq