

УДК 004.021

**ПОСТРОЕНИЕ КРУПНОМАСШТАБНЫХ ГЕННЫХ РЕГУЛЯТОРНЫХ СЕТЕЙ ПО
ДАНЫМ РНК-СЕКВЕНИРОВАНИЯ**

Лундин М.В. (Университет ИТМО)

Научный руководитель – к.т.н., доцент Сергушичев А.А.
(Университет ИТМО)

В рамках настоящей работы был разработан алгоритм построения крупномасштабных генных регуляторных сетей по данным РНК-секвенирования. Был адаптирован метод Монте-Карло в Марковских цепях для Байесовских цепей с применением знаний об эквивалентности Байесовских сетей для получения регуляторного графа. Изучены характеристики точности и скорости полученного алгоритма, а также осуществлено сравнение с предыдущими версиями, а также с подобными алгоритмами.

Введение. В настоящее время построение генных регуляторных сетей является одной из самых активно изучаемых задач в биоинформатике. Данные сети помогают пониманию внутренних процессов регуляции живых клеток. Для того чтобы получить эту сеть применяются Байесовские сети. Поиск точного графа зависимостей с их помощью на полноразмерных данных является недостижимым из-за ограниченности вычислительных возможностей. Сейчас разработаны многие методы оптимизации процесса поиска графа. Одно из них например: структура данных для компактного хранения вероятностей перехода в алгоритме Марковских цепей Монте-Карло, однако на данный момент она не поддерживает инверсию ребер в графе, что является важным критерием сходимости алгоритма.

Основная часть. В настоящей работе была произведена адаптация метода Монте-Карло в Марковских цепях, основанная на применении информации об эквивалентности Байесовских сетей. В ходе работы был модифицирован алгоритм поиска регуляторных сетей, построенный на оптимизации графа посредством удаления и добавления ребер. Разворот ребра в данной модели при помощи его удаления, а затем добавления в граф его развернутой версии, является очень маловероятным событием, так как правдоподобность промежуточного графа без этого ребра меньше исходной. Для добавления необходимой операции разворота ребер был реализован алгоритм определения эквивалентности сетей, позволяющий проверить возможность смены ориентации ребра.

Выводы. В данной работе показано, что модифицированный метод построения крупномасштабных генных регуляторных сетей по данным РНК-секвенирования позволяет сократить время нахождения графа взаимодействий и улучшает сходимость алгоритма.

Лундин М.В.(автор)

Подпись

Сергушичев А.А. (научный руководитель)

Подпись