

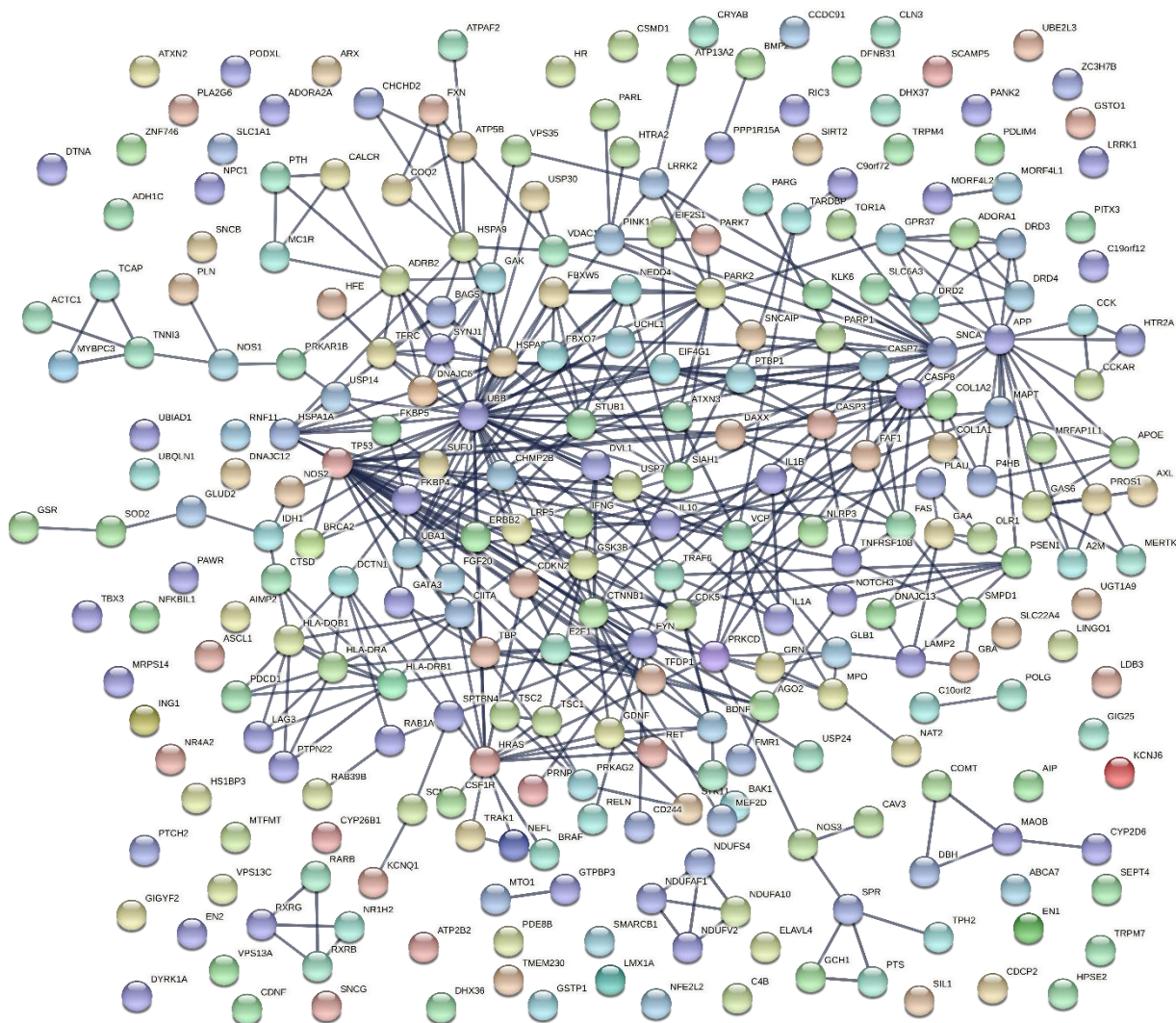
ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Орлов Ю.Л., Галиева А.Г., Орлова Н.Г., Иванова Е.Н., Мозылева Ю.А., Анашкина А.А. (2021)
Реконструкция генной сети болезни Паркинсона для поиска генов-мишеней,
Биомедицинская химия, **67**(3), 222-230.

DOI: 10.18097/PBMC20216703222

Таблица S1. Список генов - OMIM, DAVID.

Рисунок S1 является результатом реконструкции сети с помощью ресурса STRING-DB (<https://string-db.org/>). STRING-DB распознает 268 генов из списка 293 генов (построенных по OMIM), и строит сетевые структуры. Часть генов сети не контактировала с другими объектами. Тем не менее, выделяется центральный плотно связанный кластер генов и связанный с несколькими небольшими кластерами генов белок PARK2.



На рисунке S1 можно выделить несколько кластеров сети, самый большой из которых включает гены UBB, APP, STUB1. Этот кластер занимает центральную позицию полученной сети, и более детально представляет большую структуру сети, построенную по тем же генам на рисунке 3 в основном тексте статьи. Показана полная генная сеть, построенная программой STRING, включающая все гены и отдельные кластеры. Связи соответствует только надежно определенным взаимодействиям (interaction score > 0.9).

Далее (рис. 2), представлено разделение той же генной сети в STRING-DB на два больших кластера, включающих как гены SNCA, LRRK2 и MAPT, в одном кластере, так и общие транскрипционные факторы TP53, BRCA2 в другом кластере.

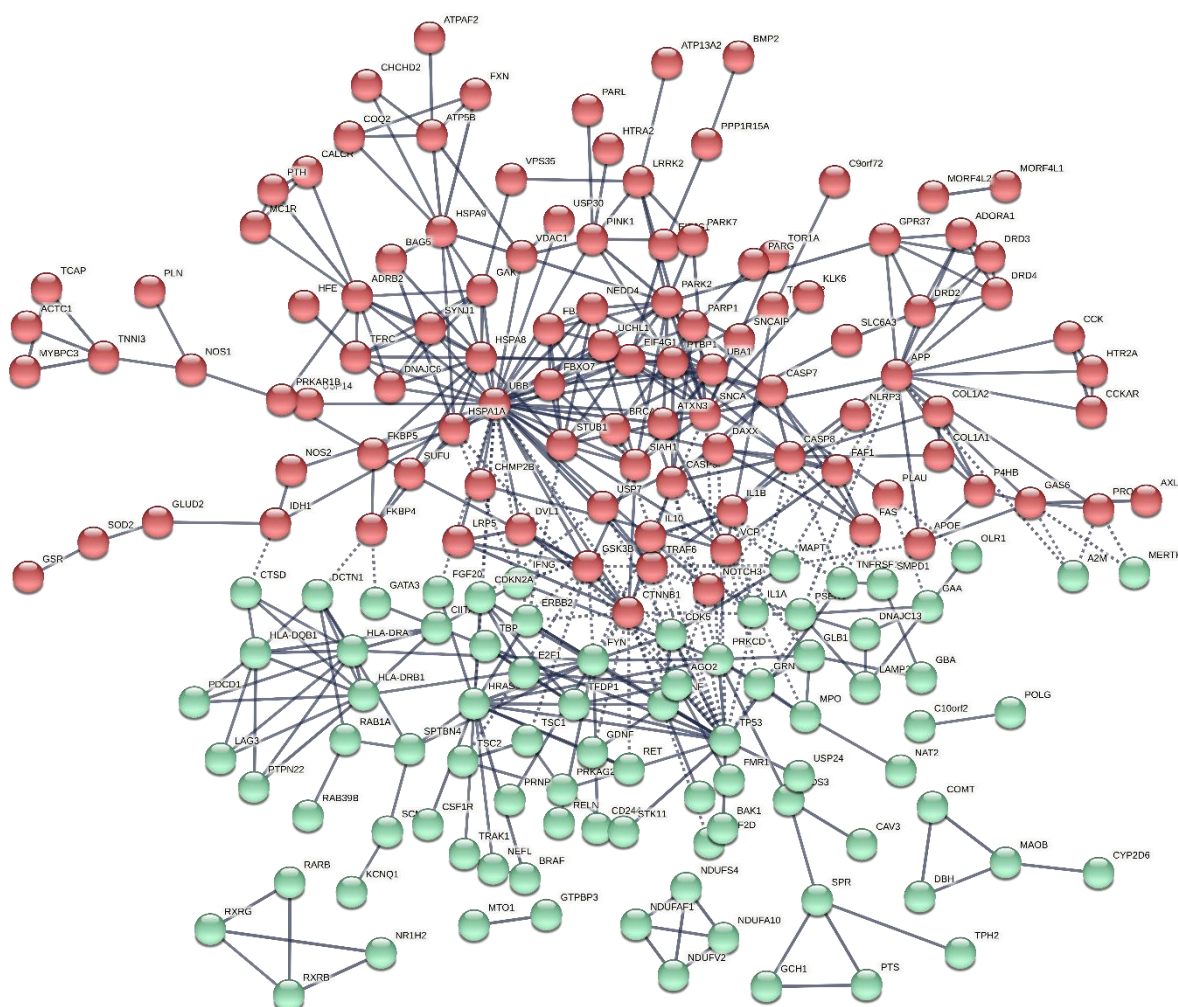


Рисунок S2. Кластеризация генов в генной сети болезни Паркинсона по STRING-DB. Два кластера выделены цветом.