



Open Genes — курируемая биологическая база данных генов человека, ассоциированных со старением и продолжительностью жизни

open-genes.com

5:32

ar

CTF1 cardiotrophin 1

EGR1 early growth response 1

IFNAR1 interferon alpha and beta receptor subunit 1

продолжительностью жизни, со их эволюционном возрасте и функциях.

Подробнее

CTF1 cardiotrophin 1
Mammalia 190 (млн. лет)
Консервативен у:
Boreoeutheria
Возрастозависимые процессы/системы:
иммунная функция, нервная система
ответ на стресс, дифференцировка клеток
метаболизм глюкозы
Возрастные изменения экспрессии:
повышается

Open Longevity Genes — Data

open-genes.com

OPEN genes LONGEVITY

Open Longevity Genes

Мы собираем информацию о генах, ассоциированных со старением и продолжительностью жизни: об их эволюционном возрасте и функциях.

Подробнее

Новые публикации Еще на PubMed

ar

CTF1 cardiotrophin 1

EGR1 early growth response 1

IFNAR1 interferon alpha and beta receptor subunit 1

CTF1 cardiotrophin 1 Mammalia 190 (млн. лет) Boreoeutheria
иммунная функция, нервная система, повышается
ответ на стресс, дифференцировка клеток
метаболизм глюкозы

EGR1 early growth response 1 Vertebrata 490 (млн. лет) Euteleostomi
регуляция транскрипции, нет данных
дифференцировка клеток

IFNAR1 interferon alpha and beta receptor subunit 1 Vertebrata 490 (млн. лет)
иммунная функция, сигналинг, нет данных

ARNTL aryl hydrocarbon receptor nuclear translocator-like Eumetazoa 800 (млн. лет) Bilateria
митохондриальная функция, нет данных
протеостаз/модификация белков, транспорт
сенесценция, чувствительность к инсулину
нервная система, регуляция транскрипции
клеточный цикл, дифференцировка клеток

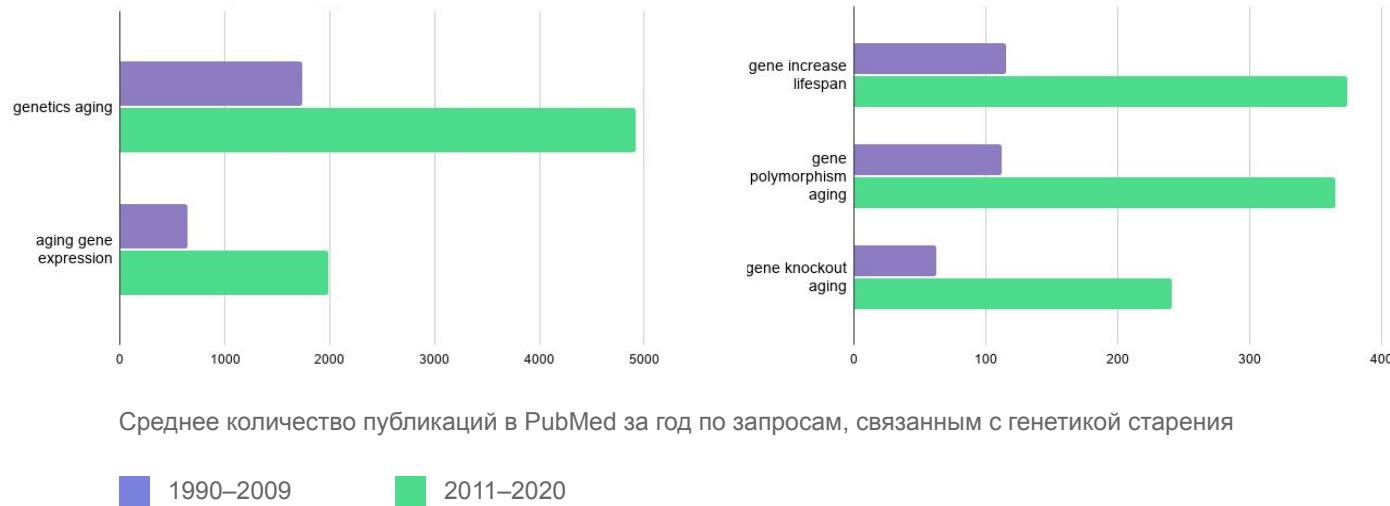
EFEMP1 EGF containing fibulin-like extracellular matrix protein 1 Eumetazoa 800 (млн. лет) Euteleostomi
межклеточный матрикс, нет данных
дифференцировка клеток

Цели

- Предоставить исследователям возможность создавать модели комбинаторной терапии старения и тестировать их эффективность.
- Объединить данные из отдельных исследований генов, ассоциированных со старением, и собрать данные для машинного обучения.
- Облегчить анализ полученных результатов в области генетики старения и разработку дизайна новых исследований старения и связанных с ним биологических процессов.

Зачем структурировать данные

Количество исследований генетики старения постоянно увеличивается. За последние 10 лет интерес исследователей к теме значительно вырос. Однако невозможно составить полную картину из разрозненных результатов тысяч экспериментов.



Целевая аудитория

Биологи



Биоинформатики



Специалисты
Data Science



Активисты
долголетия



История проекта

Нашей первой задачей было определить эволюционный возраст генов человека, ассоциированных со старением, чтобы проследить, существует ли связь между возрастом гена и его ролью в старении.

Мы взяли 307 генов из базы GeneAge и начали искать исследования эволюционной истории генных семейств, к которым они относились.

| HGNC, название | Происхождение, возраст |
|---|---------------------------------------|
| <u>CETP</u> <u>cholesteryl ester transfer protein, plasma</u> | Mammalia 190 (млн. лет) |
| <u>CTF1</u> <u>cardiotrophin 1</u> | Mammalia 190 (млн. лет) |
| <u>IL7R</u> <u>interleukin 7 receptor</u> | Euteleostomi 420 (млн. лет) |
| <u>IL2</u> <u>interleukin 2</u> | Euteleostomi 420 (млн. лет) |
| <u>IL7</u> <u>interleukin 7</u> | Euteleostomi 420 (млн. лет) |

Мы поняли, что важно разработать свои критерии для добавления генов в базу, поэтому стали собирать генетические исследования старения.

Множество экспериментальных данных, полученных с использованием разных подходов, необходимо было упорядочить. Поэтому мы решили вручную добавлять в базу данные из всех доступных исследований связи гена со старением.

Мы структурировали эти данные и сделали их доступными для машинного анализа.

Помимо информации, добавленной нами вручную, мы решили собрать вместе данные из других генетических баз, например, аннотации Gene Ontology, данные об экспрессии гена в разных тканях, ассоциациях с возрастными болезнями и межгенных взаимодействиях.



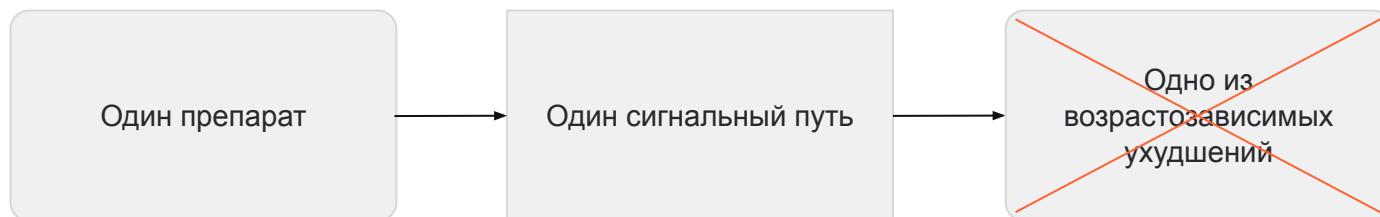
Комбинаторный подход

Цели

- Предоставить исследователям возможность создавать модели комбинаторной терапии старения и тестировать их эффективность.
- Объединить данные из отдельных исследований генов, ассоциированных со старением, и собрать данные для машинного обучения.
- Облегчить анализ полученных результатов в области генетики старения и разработку дизайна новых исследований старения и связанных с ним биологических процессов.

Терапия старения: комбинаторный подход

Суть комбинаторного подхода состоит в воздействии на группы сигнальных путей в клетках вместо воздействия всего на один путь:



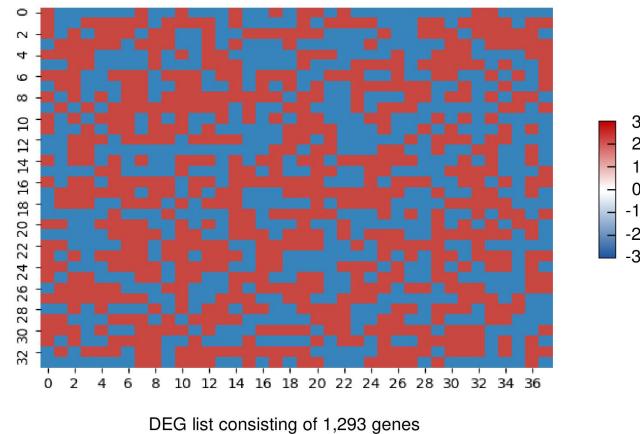
Терапия старения: комбинаторный подход

Машинное обучение с использованием ранее накопленных данных подтвердило, что комбинация потенциальных лекарств работает эффективнее, чем монотерапия.

Терапия старения: комбинаторный подход

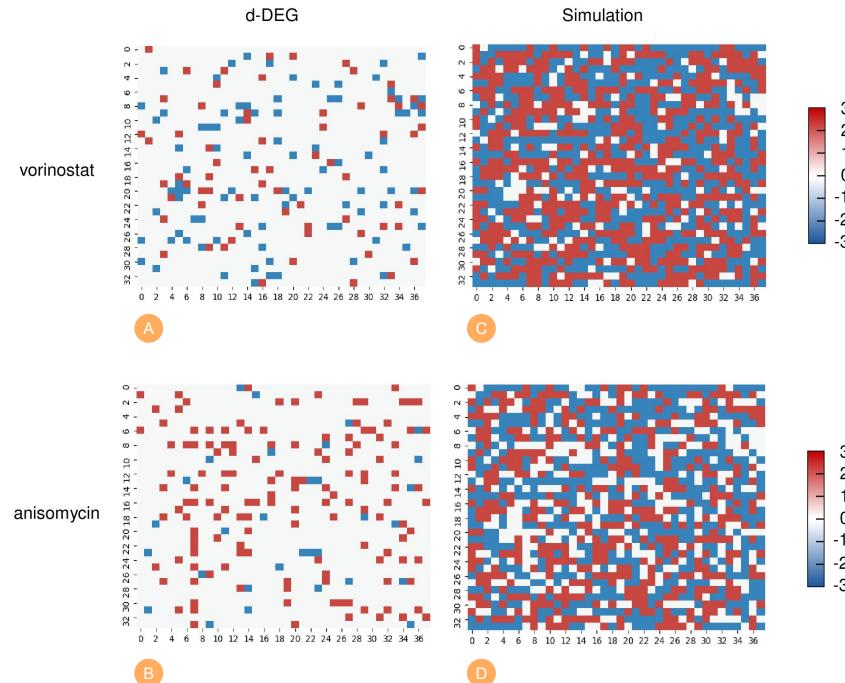
На тепловой карте показаны возрастные изменения экспрессии генов. Пиксели — это отдельные гены.

- гены, экспрессия которых увеличивается с возрастом
- гены, экспрессия которых снижается



Терапия старения: комбинаторный подход

- A. Влияние вориностата на экспрессию генов
- B. Влияние анизомицина на экспрессию генов
- C. Обращение возрастных изменений вориностатом
- D. Обращение возрастных изменений комбинацией вориностат + анизомицин



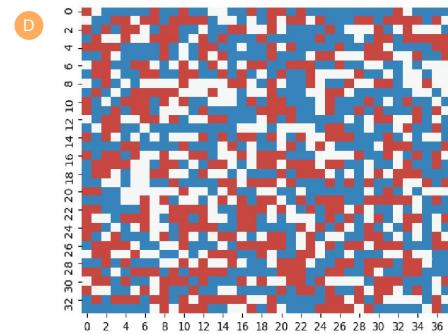
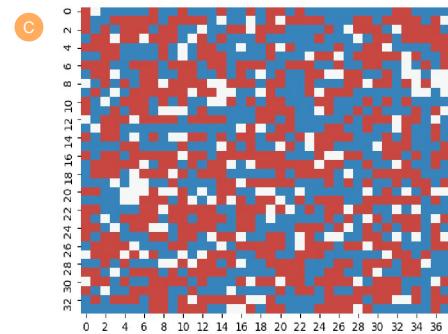
Терапия старения: комбинаторный подход

C. Обращение возрастных изменений вориностатом (белые пиксели)

Результаты действия вориностата наложены на график возрастных изменений. Белые пиксели показывают, что эффект препарата противоположен возрастному изменению, то есть возрастное изменение удалось обратить.

D. Обращение возрастных изменений комбинацией вориностата и аизомицина (белые пиксели)

Результаты совместного действия вориностата и аизомицина. Белых пикселей больше, комбинированная терапия оказалась эффективнее, препараты не нейтрализуют, а дополняют эффекты друг друга.



Для применения комбинаторного подхода в генных терапиях старения требуются данные о всех генах и сигнальных путях

Сбор и структурирование данных

Цели

- Предоставить исследователям возможность создавать модели комбинаторной терапии старения и тестировать их эффективность.
- Объединить данные из отдельных исследований генов, ассоциированных со старением, и собрать данные для машинного обучения.
- Облегчить анализ полученных результатов в области генетики старения и разработки дизайна новых исследований старения и связанных с ним биологических процессов.

Чего не хватает существующим базам генов старения

- Актуальные данные о генах человека, ассоциированных со старением.
- Данные об эволюционной истории связанных со старением генов.
- Структурированные экспериментальные данные об увеличении продолжительности жизни млекопитающих.
- Полная информация о возрастных среднепопуляционных изменениях экспрессии гена в тканях человека и животных.
- Данные об аллельных вариантах генов, ассоциированных с долголетием у людей.
- Возможность сравнивать гены по разным критериям и их сочетаниям.
- Удобная работа с данными — как в веб-приложении, так и при помощи API.

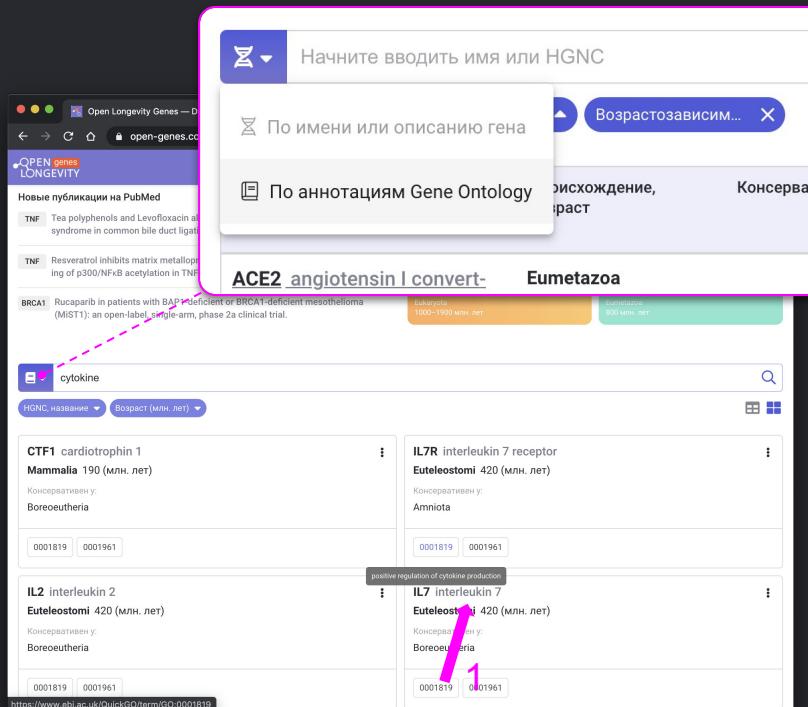
Какие проблемы решает наш продукт

- Предоставляем полные актуальные и постоянно пополняющиеся данные о генетических исследованиях старения.
- Структурируем и приводим к единому виду данные, собранные из множества исследований, делая их доступными для анализа.
- Даем возможность отбирать гены по разным признакам в зависимости от цели анализа: эволюционный возраст, аннотации Gene Ontology, функции, характер возрастных изменений экспрессии и др.

Ген окажется в базе Open Genes, если:

-  Эксперименты на животных показали, что влияние на работу гена или его продукта может продлить жизнь или замедлить какие-то возрастные ухудшения
-  Уровень экспрессии гена изменяется с возрастом у человека или других видов
-  Ген участвует в регуляции других связанных со старением генов
-  Аллельный полиморфизм гена связан с долголетием или фенотипом старения у человека
-  Мутации гена вызывают ускоренное старение у человека
-  Продукт гена участвует в связанных со старением процессах и представляет интерес для дальнейших исследований

Open Genes: Главная



Начните вводить имя или HGNC

По имени или описанию гена

Возрастозависим...

По аннотациям Gene Ontology

ACE2 angiotensin I convert

Eumetazoa

ACE2 angiotensin I converting enzyme 2

Eumetazoa

800 (млн. лет)

IL7R interleukin 7 receptor

Euteleostomi

420 (млн. лет)

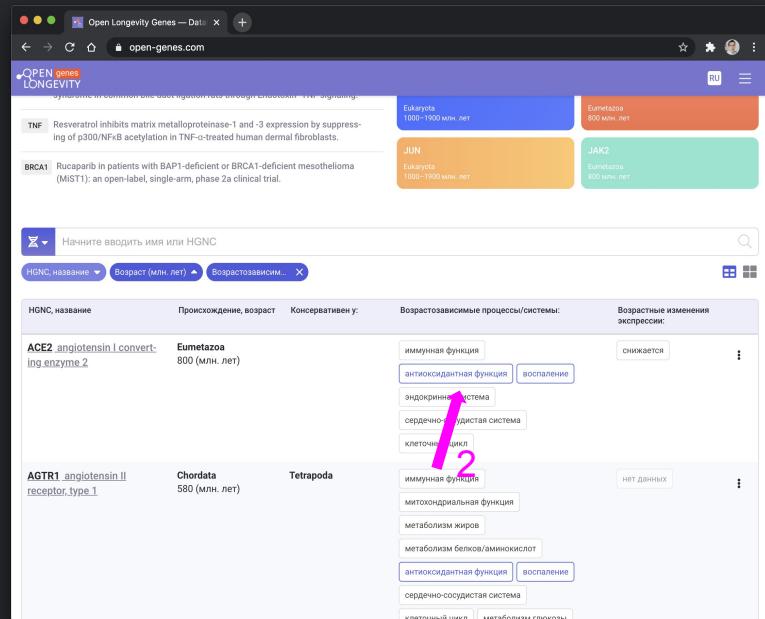
positive regulation of cytokine production

IL7 interleukin 7

Euteleostomi

420 (млн. лет)

1



Начните вводить имя или HGNC

HGNC, название

Возраст (млн. лет)

Возрастозависим...

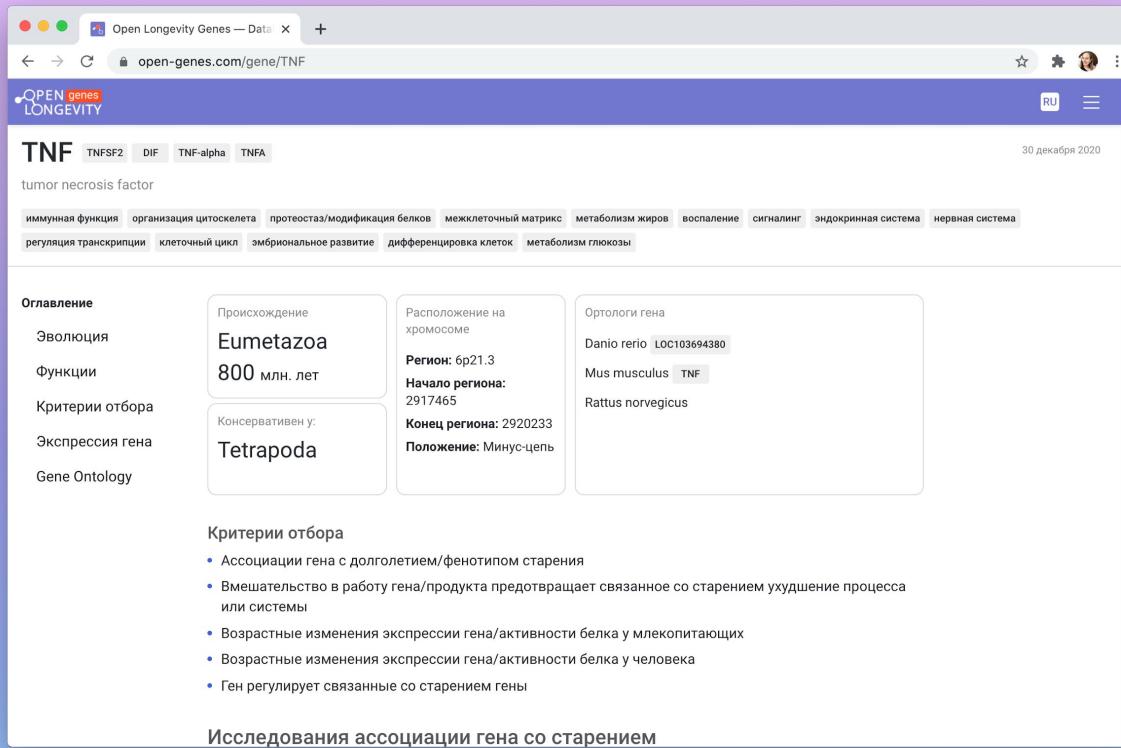
| HGNC, название | Происхождение, возраст | Консервативен у: | Возрастозависимые процессы/системы: | Возрастные изменения экспрессии: |
|--|------------------------|------------------|--|----------------------------------|
| ACE2 angiotensin I converting enzyme 2 | Eumetazoa | 800 (млн. лет) | иммунная функция антиоксидантная функция воспаление эндокринная система сердечно-сосудистая система клеточный цикл иммунная функция митохондриальная функция метаболизм жиров метаболизм белков/аминокислот антиоксидантная функция воспаление сердечно-сосудистая система клеточный цикл метаболизм глюкозы | снижается |
| AGTR1 angiotensin II receptor, type 1 | Chordata | 580 (млн. лет) | Tetrapoda | нет данных |

1

2

Поиск генов по 1) аннотациям Gene Ontology и 2) отбор по нашим группам возрастозависимых процессов или их сочетаниям

Open Genes: Аннотация гена



Open Longevity Genes — Data x +

open-genes.com/gene/TNF

OPEN genes LONGEVITY RU

TNF TNFSF2 DIF TNF-alpha TNFA

30 декабря 2020

тumor necrosis factor

иммунная функция организация цитоскелета протеостаз/модификация белков межклеточный матрикс метаболизм жиров воспаление сигналинг эндокринная система нервная система

регуляция транскрипции клеточный цикл эмбриональное развитие дифференцировка клеток метаболизм глюкозы

Оглавление

- Эволюция
- Функции
- Критерии отбора
- Экспрессия гена
- Gene Ontology

Происхождение
Eumetazoa
800 млн. лет

Расположение на хромосоме

Регион: бр21.3
Начало региона: 2917465
Конец региона: 2920233
Положение: Минус-цепь

Ортологи гена

Danio rerio LOC103694380
Mus musculus TNF
Rattus norvegicus

Критерии отбора

- Ассоциации гена с долголетием/фенотипом старения
- Вмешательство в работу гена/продукта предотвращает связанные со старением ухудшение процесса или системы
- Возрастные изменения экспрессии гена/активности белка у млекопитающих
- Возрастные изменения экспрессии гена/активности белка у человека
- Ген регулирует связанные со старением гены

Исследования ассоциации гена со старением

- Эволюционный возраст и ортологи гена
- Критерии отбора гена
- Исследования влияния гена на старение и продолжительность жизни
- Описание функций гена
- Аннотации Gene Ontology
- Экспрессия гена в разных тканях

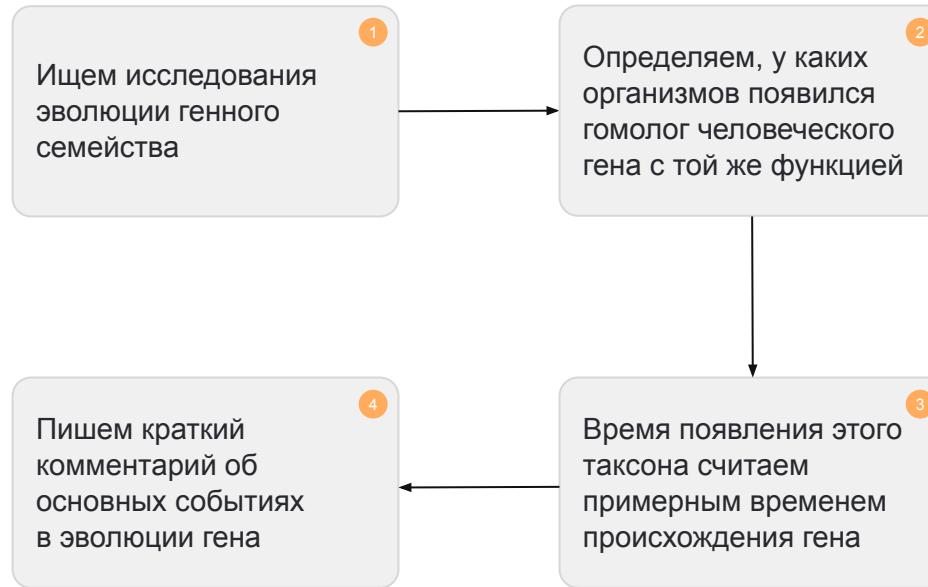
Как мы определяем эволюционный возраст гена

Проблема:
у гена нет определенного
возраста

«Строго говоря, у гена нет
определенного возраста.
Гены динамичны и постоянно
развиваются с момента
зарождения жизни.»

Capra A. J. et al. How old is my gene. Trends
in Genetics, 2013, 28(11):659-668

Как мы определяем эволюционный возраст гена



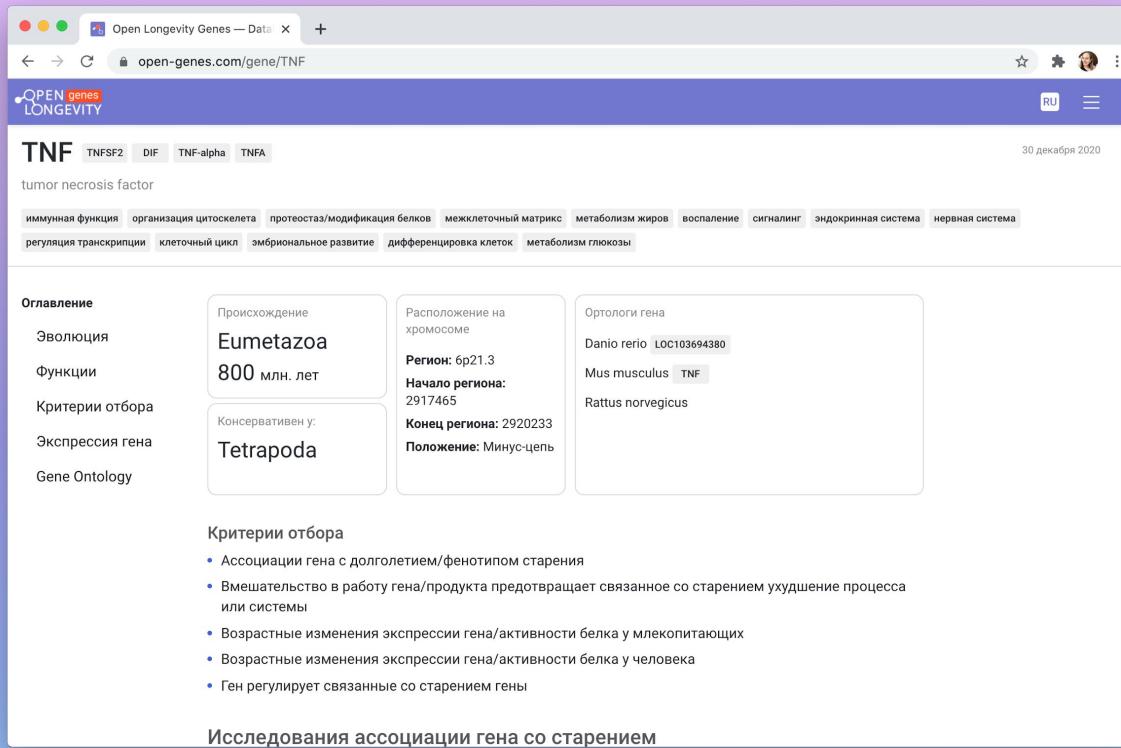
Мы также указываем степень консервативности гена. Эти данные HomoloGene NCBI получают автоматическим сравнением последовательностей генома разных видов.

Происхождение
Eukaryota
1000–1900 млн. лет

Консервативен у:
Euteleostomi

Описание продукта

Open Genes: Аннотация гена



Open Longevity Genes — Data x +

open-genes.com/gene/TNF

OPEN genes LONGEVITY RU

TNF TNFSF2 DIF TNF-alpha TNFA

30 декабря 2020

тumor necrosis factor

иммунная функция организация цитоскелета протеостаз/модификация белков межклеточный матрикс метаболизм жиров воспаление сигналинг эндокринная система нервная система

регуляция транскрипции клеточный цикл эмбриональное развитие дифференцировка клеток метаболизм глюкозы

Оглавление

- Эволюция
- Функции
- Критерии отбора
- Экспрессия гена
- Gene Ontology

Происхождение
Eumetazoa
800 млн. лет

Расположение на хромосоме

Регион: бр21.3
Начало региона: 2917465
Конец региона: 2920233
Положение: Минус-цепь

Ортологи гена

Danio rerio LOC103694380
Mus musculus TNF
Rattus norvegicus

Критерии отбора

- Ассоциации гена с долголетием/фенотипом старения
- Вмешательство в работу гена/продукта предотвращает связанные со старением ухудшение процесса или системы
- Возрастные изменения экспрессии гена/активности белка у млекопитающих
- Возрастные изменения экспрессии гена/активности белка у человека
- Ген регулирует связанные со старением гены

Исследования ассоциации гена со старением

- Эволюционный возраст и ортологи гена
- Критерии отбора гена
- Исследования влияния гена на старение и продолжительность жизни
- Описание функций гена
- Аннотации Gene Ontology
- Экспрессия гена в разных тканях

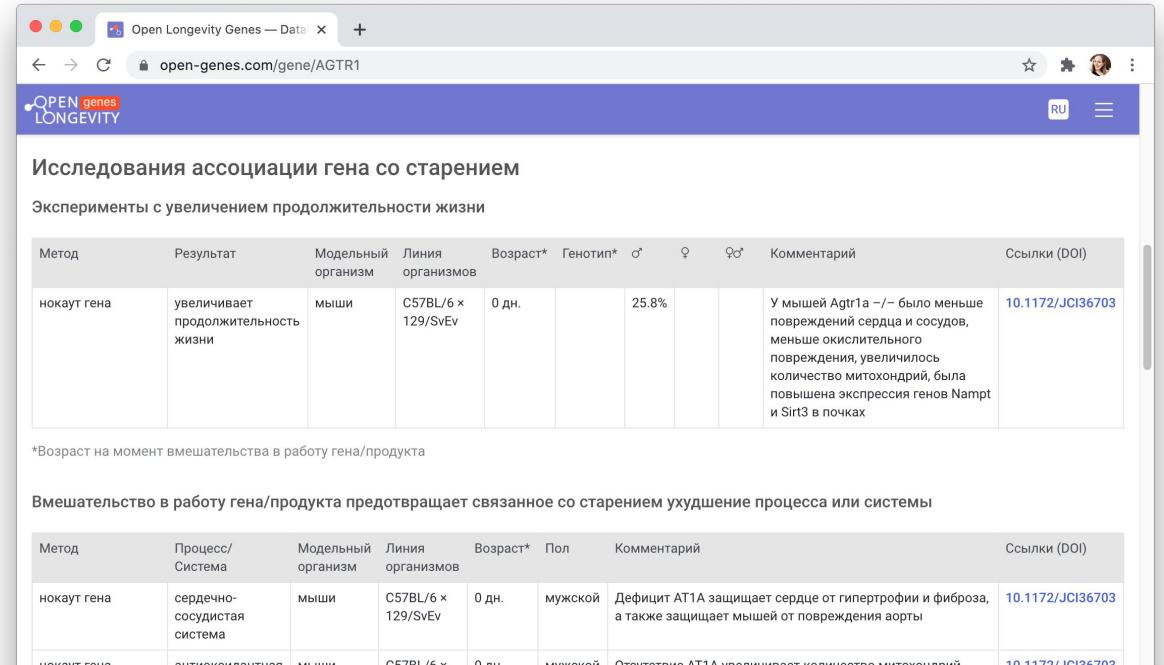
Open Genes: данные, собранные вручную

| Вид изменений | Образец | Модельный организм | Возраст группы 1 | Возраст группы 2 | MRHK/белок | ♂ | ♀ | ♀♂ | Комментарий | Ссылки (DOI) |
|-------------------------|-------------------------|--------------------|------------------|------------------|------------|-----|---|-----|--|---|
| экспрессия гена снижена | мозговое вещество почек | крысы | 10 мес. | 27 мес. | белок | 40% | | | Экспрессия гена у молодых и старых крыс без когнитивных нарушений. Изменения экспрессии генов были более выражены у крыс с когнитивными нарушениями. | 10.1101/211357-010-9176-2 |
| экспрессия гена снижена | корковое вещество почек | крысы | 10 мес. | 27 мес. | белок | 30% | | | Экспрессия гена у молодых и старых крыс без когнитивных нарушений. Изменения экспрессии генов были более выражены у крыс с когнитивными нарушениями. | 10.1101/211357-010-9176-2 |
| экспрессия гена снижена | мозговое вещество почек | крысы | 10 мес. | 27 мес. | белок | 60% | | | Экспрессия гена у молодых здоровых крыс и старых крыс с когнитивными нарушениями. | 10.1101/211357-010-9176-2 |
| экспрессия гена снижена | корковое вещество почек | крысы | 10 мес. | 27 мес. | белок | 40% | | | Экспрессия гена у молодых здоровых крыс и старых крыс с когнитивными нарушениями. | 10.1101/211357-010-9176-2 |
| экспрессия гена снижена | белое вещество мозга | макаки резус | 8 г. | 24 г. | мРНК | | | 20% | Были идентифицированы отдельные мотивы СрБ в интересующей области с повышенным метилированием у старых животных. Модификация этих отдельных цитозиновых остатков <i>in vitro</i> подтвердила, что метилирование промотора может снижать транскрипцию гена. Эти результаты свидетельствуют о том, что изменения в | 10.1101/211357-011-9315-4 |

Упорядоченные данные
о возрастных изменениях
экспрессии гена:

пол и возраст сравниваемых
групп, характер и степень
изменений, что измеряли
(белок или мРНК), у каких
организмов и в каких тканях

Open Genes: данные, собранные вручную



Open Longevity Genes — Data X +

open-genes.com/gene/AGTR1

OPEN genes LONGEVITY RU

Исследования ассоциации гена со старением

Эксперименты с увеличением продолжительности жизни

| Метод | Результат | Модельный организм | Линия организмов | Возраст* | Генотип* | ♂ | ♀ | ♀♂* | Комментарий | Ссылки (DOI) |
|-------------|-------------------------------------|--------------------|--------------------|----------|----------|-------|---|-----|---|---|
| нокарт гена | увеличивает продолжительность жизни | мыши | C57BL/6 x 129/SvEv | 0 дн. | | 25.8% | | | У мышей Agtr1a -/- было меньше повреждений сердца и сосудов, меньше окислительного повреждения, увеличилось количество митохондрий, была повышена экспрессия генов Nampt и Sirt3 в почках | 10.1172/JCI36703 |

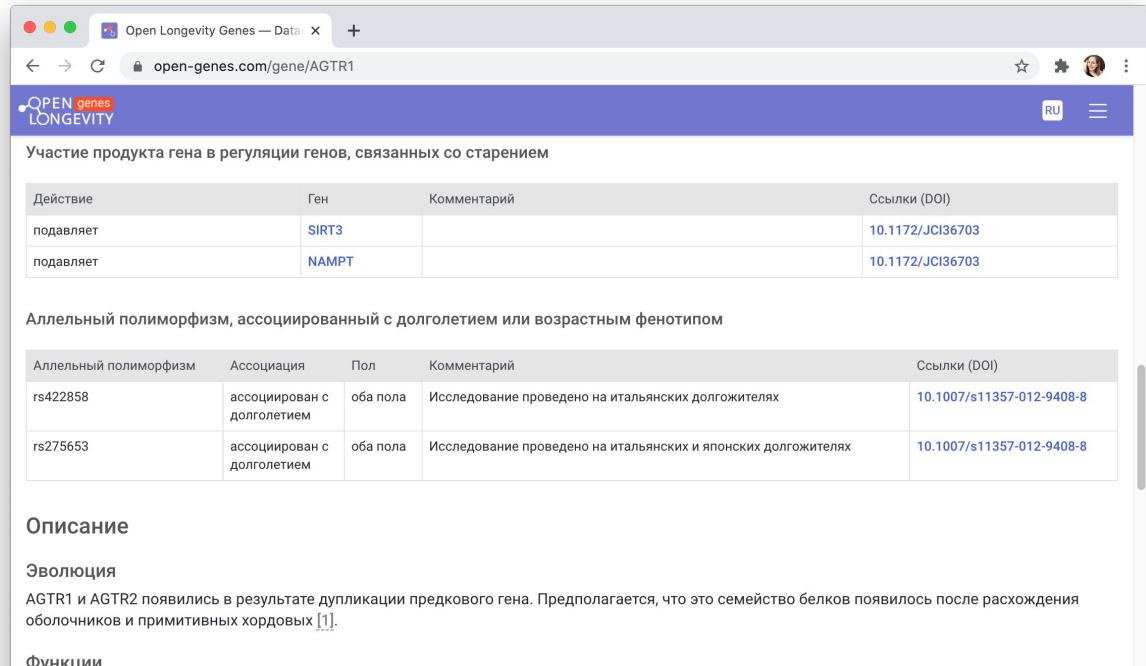
*Возраст на момент вмешательства в работу гена/продукта

Вмешательство в работу гена/продукта предотвращает связанное со старением ухудшение процесса или системы

| Метод | Процесс/Система | Модельный организм | Линия организмов | Возраст* | Пол | Комментарий | Ссылки (DOI) |
|-------------|-----------------------------|--------------------|--------------------|----------|---------|--|---|
| нокарт гена | сердечно-сосудистая система | мыши | C57BL/6 x 129/SvEv | 0 дн. | мужской | Дефицит AT1A защищает сердце от гипертрофии и фиброза, а также защищает мышей от повреждения аорты | 10.1172/JCI36703 |
| нокарт гена | антиоксидантная | мыши | C57BL/6 x | 0 дн. | мужской | Отсутствие AT1A увеличивает количество митохондрий, | 10.1172/JCI36703 |

Упорядоченные данные об экспериментах с геном, в результате которых увеличилась продолжительность жизни или замедлились возрастные ухудшения

Open Genes: данные, собранные вручную



Open Longevity Genes — Data X +

open-genes.com/gene/AGTR1

OPEN genes LONGEVITY RU

Участие продукта гена в регуляции генов, связанных со старением

| Действие | Ген | Комментарий | Ссылки (DOI) |
|-----------|-------|-------------|---|
| подавляет | SIRT3 | | 10.1172/JCI36703 |
| подавляет | NAMPT | | 10.1172/JCI36703 |

Аллельный полиморфизм, ассоциированный с долголетием или возрастным фенотипом

| Аллельный полиморфизм | Ассоциация | Пол | Комментарий | Ссылки (DOI) |
|-----------------------|----------------------------|----------|---|---|
| rs422858 | ассоциирован с долголетием | оба пола | Исследование проведено на итальянских долгожителях | 10.1007/s11357-012-9408-8 |
| rs275653 | ассоциирован с долголетием | оба пола | Исследование проведено на итальянских и японских долгожителях | 10.1007/s11357-012-9408-8 |

Описание

Эволюция

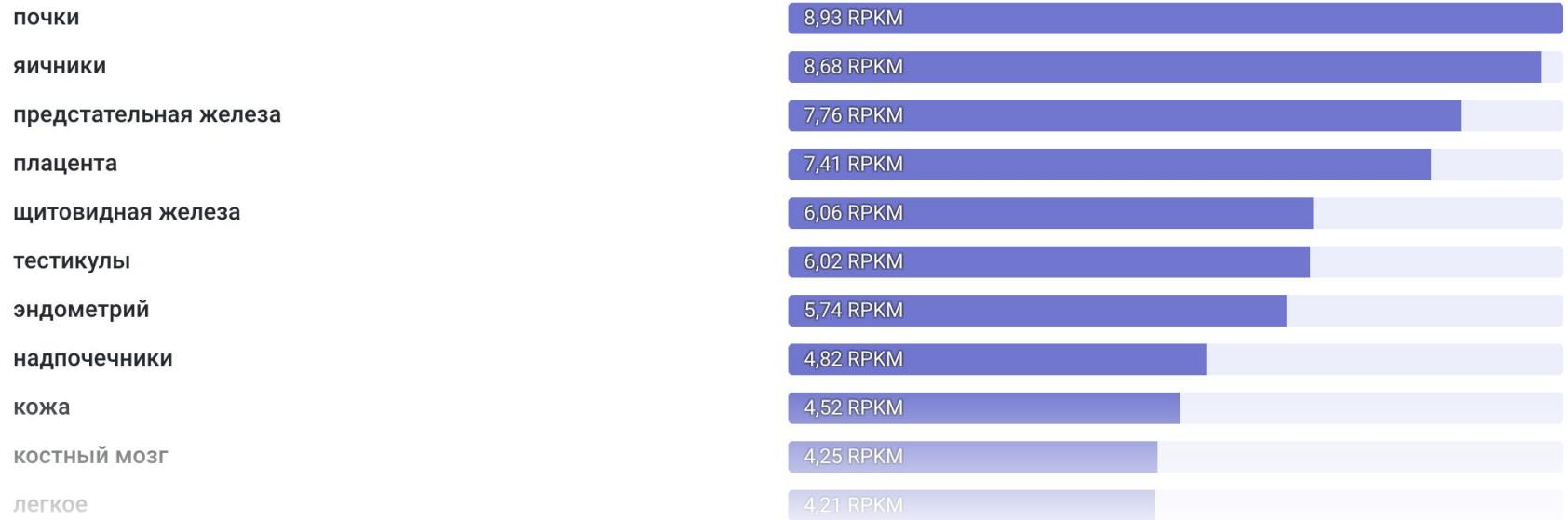
AGTR1 и AGTR2 появились в результате дупликации предкового гена. Предполагается, что это семейство белков появилось после расхождения оболочников и примитивных хордовых [1].

Функции

Влияние продукта гена на другие гены, популяционные исследования ассоциаций полиморфизма гена с долголетием или фенотипом старения

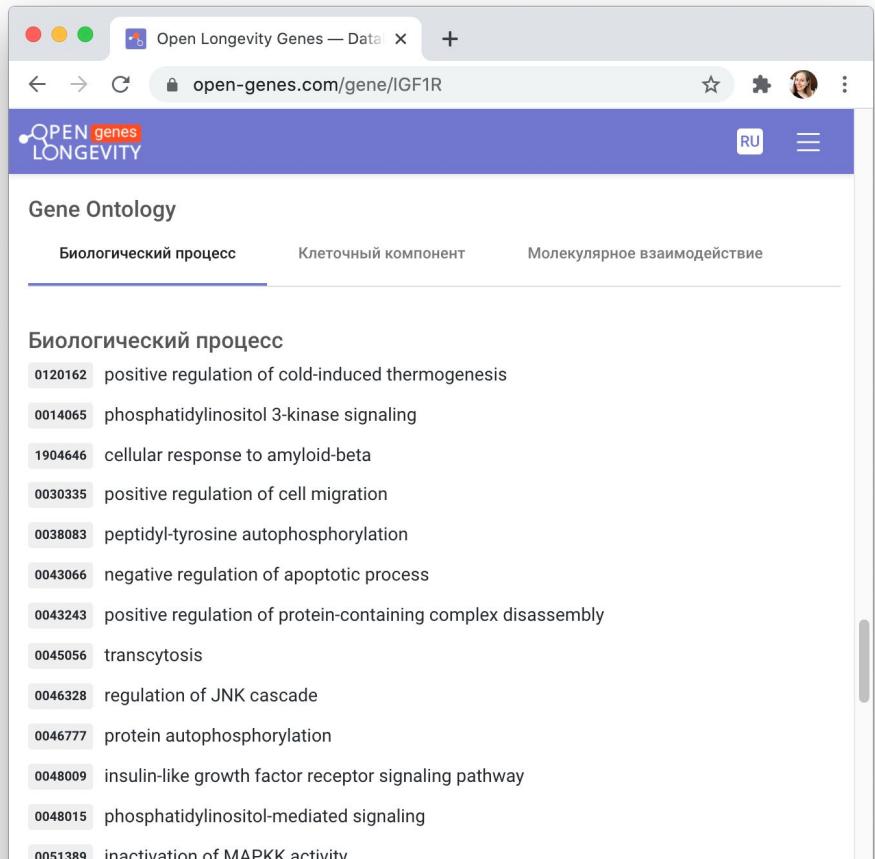
Open Genes: данные из других источников

Экспрессия гена в разных тканях и органах от NCBI



Open Genes: данные из других источников

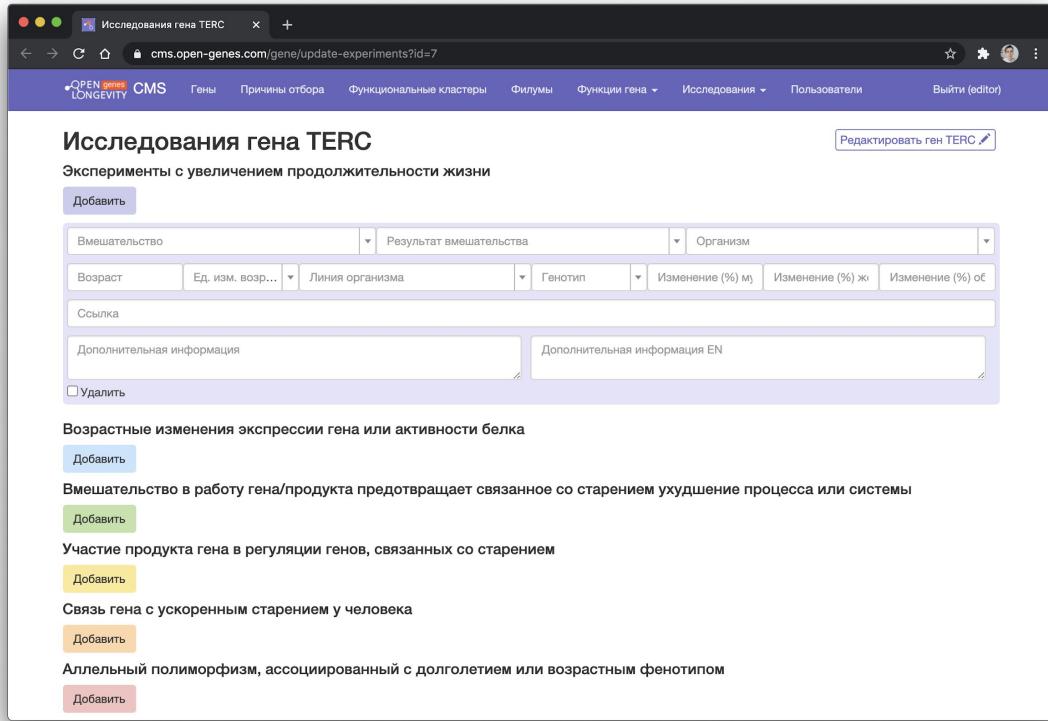
На странице гена собраны аннотации **Gene Ontology**, разбитые на три вкладки: «Биологический процесс», «Клеточный компонент» и «Молекулярное взаимодействие». Клик по номеру аннотации открывает сервис **QuickGO**. В будущем данные из **Gene Ontology** и связанных сервисов будут отображаться прямо на сайте.



The screenshot shows a web browser window for the URL open-genes.com/gene/IGF1R. The page is titled "Open Longevity Genes — Data". The main content area is titled "Gene Ontology" and features three tabs: "Биологический процесс" (selected), "Клеточный компонент", and "Молекулярное взаимодействие". The "Биологический процесс" tab displays a list of biological processes with their corresponding GO IDs and descriptions. The list includes:

- 0120162 positive regulation of cold-induced thermogenesis
- 0014065 phosphatidylinositol 3-kinase signaling
- 1904646 cellular response to amyloid-beta
- 0030335 positive regulation of cell migration
- 0038083 peptidyl-tyrosine autophosphorylation
- 0043066 negative regulation of apoptotic process
- 0043243 positive regulation of protein-containing complex disassembly
- 0045056 transcytosis
- 0046328 regulation of JNK cascade
- 0046777 protein autophosphorylation
- 0048009 insulin-like growth factor receptor signaling pathway
- 0048015 phosphatidylinositol-mediated signaling
- 0051389 inactivation of MAPKK activity

Как добавляются данные из исследований



Исследования гена TERC

Эксперименты с увеличением продолжительности жизни

Добавить

Вмешательство Результат вмешательства Организм

Возраст Ед. изм. возр... Линия организма Генотип Изменение (%) м Изменение (%) ж Изменение (%) об

Ссылка

Дополнительная информация Дополнительная информация EN

Удалить

Добавить

Возрастные изменения экспрессии гена или активности белка

Добавить

Вмешательство в работу гена/продукта предотвращает связанные со старением ухудшение процесса или системы

Добавить

Участие продукта гена в регуляции генов, связанных со старением

Добавить

Связь гена с ускоренным старением у человека

Добавить

Добавить

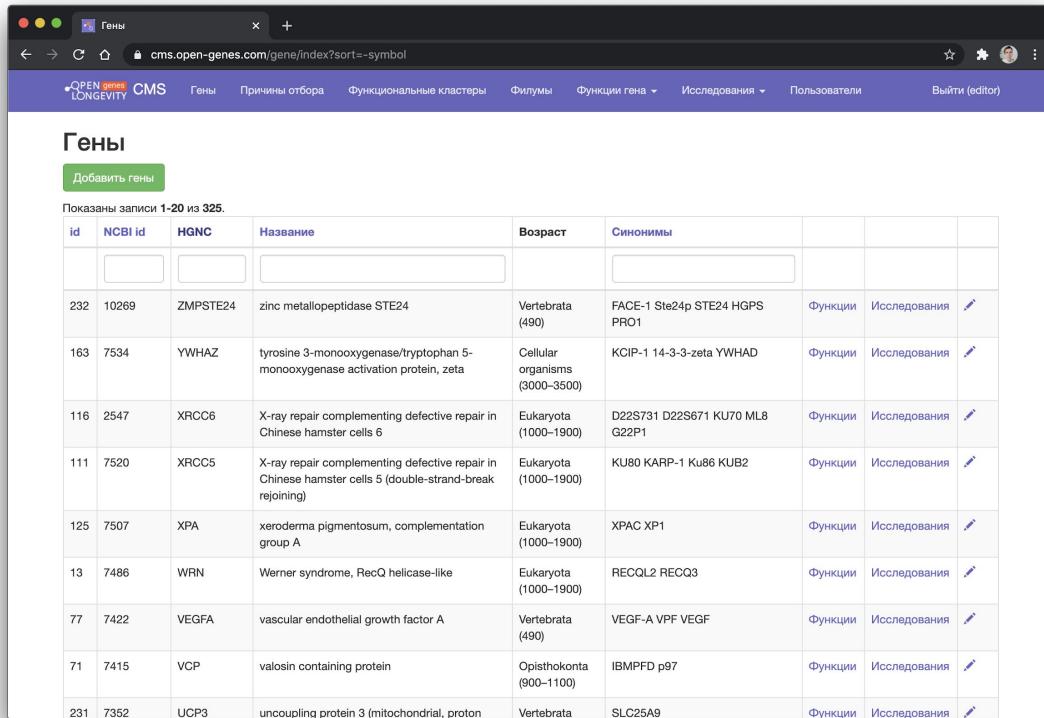
Аллельный полиморфизм, ассоциированный с долголетием или возрастным фенотипом

Добавить

Для создания и редактирования аннотаций генов используется система управления контентом (CMS).

Биологи вручную ищут исследования, подтверждающие связь гена со старением и вносят данные, найденные там, в базу, последовательно заполняя формы для каждого вида исследований.

Как добавляются данные из исследований



The screenshot shows a web browser window with the title 'Гены' (Genes). The URL is 'cms.open-genes.com/gene/index?sort=-symbol'. The page header includes the 'OPEN genes LONGEVITY CMS' logo and navigation links for 'Гены', 'Причины отбора', 'Функциональные кластеры', 'Фильтры', 'Функции гена', 'Исследования', and 'Пользователи'. A 'Выйти (editor)' link is also present. The main content area is titled 'Гены' and contains a table with 10 rows of gene annotations. The columns are: id, NCBI id, HGNC, Название (Name), Возраст (Age), Синонимы (Synonyms), and two empty columns for 'Функции' (Functions) and 'Исследования' (Studies). Each row includes a blue edit icon. The table data is as follows:

| id | NCBI id | HGNC | Название | Возраст | Синонимы | Функции | Исследования |
|-----|---------|----------|--|--------------------------------|--------------------------------|---------|--------------|
| 232 | 10269 | ZMPSTE24 | zinc metallopeptidase STE24 | Vertebrata (490) | FACE-1 Ste24p STE24 HGPS PRO1 | Функции | Исследования |
| 163 | 7534 | YWHAZ | tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, zeta | Cellular organisms (3000–3500) | KCIP-1 14-3-3-zeta YWHAD | Функции | Исследования |
| 116 | 2547 | XRCC6 | X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 6 | Eukaryota (1000–1900) | D22S731 D22S671 KU70 ML8 G22P1 | Функции | Исследования |
| 111 | 7520 | XRCC5 | X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 5 (double-strand-break rejoining) | Eukaryota (1000–1900) | KU80 KARP-1 Ku86 KUB2 | Функции | Исследования |
| 125 | 7507 | XPA | xeroderma pigmentosum, complementation group A | Eukaryota (1000–1900) | XPAC XP1 | Функции | Исследования |
| 13 | 7486 | WRN | Werner syndrome, RecQ helicase-like | Eukaryota (1000–1900) | RECQL2 RECQ3 | Функции | Исследования |
| 77 | 7422 | VEGFA | vascular endothelial growth factor A | Vertebrata (490) | VEGF-A VPF VEGF | Функции | Исследования |
| 71 | 7415 | VCP | valosin containing protein | Opisthokonta (900–1100) | IBMPFD p97 | Функции | Исследования |
| 231 | 7352 | UCP3 | uncoupling protein 3 (mitochondrial, proton | Vertebrata | SLC25A9 | Функции | Исследования |

Для каждого вида исследований есть своя форма с полями, которые необходимо заполнить. Это позволяет создавать аннотации для генов по одному образцу, объединять и анализировать результаты разных исследований.

Пользователи имеют разные права доступа. Все аннотации генов скрыты до тех пор, пока куратор не проверит их.

Возможные области применения Open Genes

- Поиск и выгрузка данных о человеческих генах, связанных со старением.
- Использование в качестве источника в научных публикациях.
- Разработка моделей машинного обучения на основе данных о генах.
- Разработка генетических и диагностических панелей на основе представленных данных.
- Поиск новых целевых биохимических способов продления жизни и прогнозирования эффективности терапии старения.

Стек технологий

Клиентская часть (фронтенд) представляет собой SPA (одностраничное веб-приложение).

Серверная часть (бэкенд) состоит из REST API и CMS для ручного добавления, изменения и удаления данных о генах. Клиент взаимодействует с сервером посредством API.

Backend

PHP, Yii 2, MySQL

Frontend

JavaScript, TypeScript, Angular

Наша команда



Михаил Батин
Основатель Open Longevity



Анастасия Егорова
Со-основатель Open Longevity



Екатерина Рафикова
Молекулярный генетик



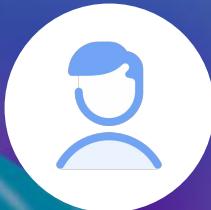
Ольга Спиридонова
Senior Backend Developer



Константин Рафиков
Frontend Developer, CEO
Open Genes



Сергей Пушкин
Backend Developer



Никита Миняев
Backend Developer



Волонтеры Open Longevity и команда
проекта на GitHub

Ссылки

open-genes.com/about

openlongevity.org/open-genes

[@OpenGenes](https://twitter.com/OpenGenes)

