

**ПРОГРАММА «СИСТЕМА ЭВОЛЮЦИОННОГО АНАЛИЗА ГЕННЫХ
СЕТЕЙ ПУТЕМ ИНТЕГРАЦИИ
ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ
“EvoNet” »
ОПИСАНИЕ ПРОГРАММЫ**

Листов – 11

Новосибирск, 2024

АННОТАЦИЯ

В данном программном документе приведено описание программной системы “Система эволюционного анализа генных сетей путем интеграции филогенетических деревьев”, являющейся встраиваемым приложением среды визуализации биологических графов Cytoscape.

Исходным языком программной системы является Java. В качестве среды разработки использовалась IntelliJ IDEA от компании JetBrains.

Основной функционал программной системы - это создание графового представления биологических данных, полученных из генных сетей разных видов и филогенетических деревьев, с целью проведения эволюционного анализа.

Оформление программного документа «Описание программы» произведено по требованиям ЕСПД (ГОСТ 19.402-78, ГОСТ 19.105-78).

СОДЕРЖАНИЕ

1 Общие сведения.....	4
1.1 Обозначение и наименование программы.....	4
1.2 Программное обеспечение, необходимое для функционирования программы.....	4
1.3 Языки программирования, на которых написана программа.....	4
2 Функциональное назначение.....	5
3 Описание логической структуры.....	6
3.1 Структура программы.....	6
3.2 Связи между составными частями программы.....	6
3.3 Связи программы с другими программами.....	6
4 Используемые технические средства.....	7
5 Вызов и загрузка.....	8
6 Входные данные.....	9
7 Выходные данные.....	10
8 Лист регистрации изменений.....	11

1 Общие сведения

1.1 Обозначение и наименование программы

Исходный файл программы “Система эволюционного анализа генных сетей путем интеграции филогенетических деревьев” представлен в формате JAR (Java archive), наименование исполняемого файла: EvoNet-х.х.jar, где х.х - номер версии программного обеспечения.

1.2 Программное обеспечение, необходимое для функционирования программы

- 1) Любая операционная система ПК;
- 2) Программное обеспечение Cytoscape версии 3.2.0 и выше;
- 3) Java 17 (рекомендованная версия - OpenJDK 17).

1.3 Языки программирования, на которых написана программа

Исходным языком программирования является Java. Среда разработки - IntelliJ IDEA от компании JetBrains.

2 Функциональное назначение

Разработанная программа предоставляет пользователю возможность объединения двух структур биологических данных: генные сети и филогенетические деревья. Генные сети различных видов, как правило ассоциированные с одним процессом, объединяются в единый граф. Затем, в этот же граф интегрируются филогенетические деревья представленных в сетях генов. Таким образом, результирующий граф представляет собой модель с двумя типами узлов и связей и позволяет эффективно извлекать информацию об эволюционных процессах.

3 Описание логической структуры

Программа состоит из нескольких компонент, разделенных согласно их функционалу.

3.1 Структура программы

Основные компоненты программы:

- Компонента CyActivator: ответственна за регистрацию сервисов в среде Cytoscape;
- Компонента NewickTree: ответственна за прочтение и создание программной модели филогенетического дерева из файла формата Newick;
- Компонента OpenNewickAsNetworkTask: ответственна за выбор файла формата Newick, содержащего филогенетические деревья, его прочтение и интерпретацию средствами компоненты NewickTree, а также за создание соответствующего графа в среде Cytoscape;
- Компонента OpenNewickAsNetworkTaskFactory: ответственна за создание экземпляров класса OpenNewickAsNetworkTask;

3.2 Связи между составными частями программы

Связи между CyActivator и классами - фабриками задач (OpenNewickAsNetworkTaskFactory) осуществляется в виде регистрации фабрик в качестве сервисов среды Cytoscape. Фабрики в свою очередь порождают экземпляры классов - задач (OpenNewickAsNetworkTask).

3.3 Связи программы с другими программами

Программа связана с программной системой визуализации биологических графов Cytoscape и является встраиваемым приложением данной системы.

4 Используемые технические средства

Программа может быть использована на любом вычислительном устройстве с установленной системой Cytoscape версии 3.2.0 и выше.

5 Вызов и загрузка

Установка программы осуществляется следующим образом:

- В среде Cytoscape перейти в меню Apps -> App Store -> Install Apps From File;
- В открывшемся меню выбора файлов выбрать архив EvoNet-x.x.jar, содержащий скомпилированный код программы.

Для запуска программы следует выполнить следующие шаги:

- Открыть подготовленные для анализа генные сети в среде Cytoscape стандартными средствами системы;
- В контекстном меню “Apps” окна визуализации выбрать пункт “Create network from nwk tree”;
- В открывшемся меню выбора файлов выбрать желаемый файл с расширением .nwk или .txt, содержащий запись филогенетических деревьев в формате Newick;
- В меню “Network” выбрать генные сети, подлежащие анализу и созданную сеть, соответствующую дереву / деревьям.
- В контекстном меню “Tools” окна визуализации выбрать пункт “Merge” -> “Networks...” и выбрать ключи для слияния выбранных сетей.

6 Входные данные

В качестве входных данных используются:

- Генные сети аналогичных процессов для разных видов в формате единого файла сессии Cytoscape (.cys);
- Файл в формате Newick (.nwk), содержащий непустое множество филогенетических деревьев, гены в которых соответствуют некоторым генам из представленных генных сетей.

7 Выходные данные

Выходные данные программы представлены файлом сессии Cytoscape (.cys), содержащим исходные сети и результирующую сеть. Множество узлов результирующей сети представлено всеми генами исходных сетей, а также узлами специального вида, каждый из которых соответствует одной ортогруппе. Множество ребер состоит из двух типов связей: все связи, присутствующие в исходных генных сетях и новые связи, связывающие специальные узлы ортогрупп со всеми генами, им принадлежащими.

8 Лист регистрации изменений

Таблица А.1 - Лист регистрации изменений в программном документе “Описание программы”.

Лист регистрации изменений									
Номера листов (страниц)					Всего листов (страниц) в документе	№ документа	Входящий № сопроводительного документа	Подпись	Дата
Номер изм.	измененных	замененных	новых	аннулированных					