

**Разработка программного обеспечения для аппроксимации и анализа кривой роста, пребывания в стационарной фазе и гибели непересеваемой культуры клеток**

**Научный руководитель – Хохлов Александр Николаевич**

*Моргунова Г.В.<sup>1</sup>, Клебанов А.А.<sup>2</sup>*

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Лаборатория клеточной биологии старения и развития, Москва, Россия, *E-mail: gvmorgunova@gmail.com*; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Лаборатория клеточной биологии старения и развития, Москва, Россия, *E-mail: klebanov@mail.bio.msu.ru*

Оценивая кинетику роста клеточной популяции, исследователи могут получить целый ряд показателей, дающих исчерпывающую информацию о пролиферативной активности изучаемой культуры клеток, но, несмотря на это, лишь небольшое количество экспериментаторов производят такую оценку. Для построения кривой роста культуры можно использовать данные, полученные как путём подсчёта количества клеток, так и при измерении оптической плотности культуры. В геронтологических исследованиях построение кривой выживания когорты живых организмов является единственным надёжным способом определения влияния на продолжительность их жизни геропротекторов. В связи с этим в наших цитогеронтологических исследованиях с использованием модели "стационарного старения" клеток особое значение приобретает построение кривых выживания клеточной популяции, т.е. изучение кинетики её гибели. Однако, в отличие от ситуации с организмами, кинетика вымирания клеточной популяции в значительной мере зависит от кинетики её роста. Исследователи, работающие с модельными системами, похожими на нашу, как правило, рассматривают рост и гибель культуры отдельно. Мы в своих экспериментах изучаем полный цикл жизни клеточной популяции. С этой целью мы засеваем клетки млекопитающих во флаконы, затем с определённой периодичностью случайным образом производим отбор 3-4 флаконов из каждой группы и подсчёт количества клеток в гемоцитометре. Ранее мы строили кривые на основании полученных для каждой группы усреднённых значений, при этом просто соединяли точки прямыми, что позволяло лишь визуализировать полученные данные. Куда более информативно было бы строить кривые с учётом аппроксимации полученных точек и получать параметры, характеризующие кинетику роста, стационарной фазы и гибели клеточной популяции. Нам не удалось найти подходящих формул для аппроксимации наших кривых в существующих пакетах готовых программ. В связи с этим для решения поставленной задачи мы разработали собственную компьютерную программу на языке Object Pascal в среде Embarcadero Delphi (RAD Studio). С её помощью можно аппроксимировать данные, полученные в ходе экспериментов, при этом доступна функция импорта таких данных в программу в виде таблицы Excel или текстового файла. При аппроксимации данных пользователь может выбрать одну из встроенных в программу формул или задать свою собственную. Для нахождения параметров аппроксимирующих кривых в программе применен взвешенный метод наименьших квадратов минимизации целевой функции по алгоритму Хука-Дживса. После проведения аппроксимации результаты отображаются в виде графиков, также на экран компьютера выводится итоговая таблица, которую при желании можно распечатать или сохранить. Полученные параметры аппроксимирующих функций могут быть использованы для описания поведения культуры, а также для дальнейшего сравнения кинетики

роста, пребывания в стационарной фазе и гибели контрольной и находящейся под воздействием исследуемого вещества клеточных популяций. Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект № 18-34-00813).