

# TIẾP CẬN BẰNG PHƯƠNG PHÁP MẠNG LƯỚI CHO NHÓM BÀI TOÁN TÌM GEN GÂY BỆNH UNG THƯ

## APPROACHES FOR IDENTIFYING HUMAN DISEASE GENES BY USING NETWORK ANALYSIS METHODS

Nguyễn Minh Tân<sup>1\*</sup>, Trần Đông Kiên<sup>1</sup>, Trần Tiến Dũng<sup>1</sup>, Nguyễn Hà Nam<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Trường Đại học Công nghiệp Hà Nội

<sup>2</sup>Trường Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội

\*E-mail: minhntan@hau.edu.vn

Ngày nhận bài: 28/11/2016

Ngày nhận bài sửa sau phản biện: 24/02/2017

Ngày chấp nhận đăng: 28/02/2017

**TÓM TẮT** Tìm kiếm các gen bệnh vẫn đang là một vấn đề quan trọng trong lĩnh vực Y - Sinh vì danh sách của chúng vẫn chưa đầy đủ trong khi điều đó quyết định đến việc chẩn đoán sớm và điều trị các căn bệnh hiểm nghèo do hệ gen gây ra như: tự kỷ, ung thư, kháng thuốc và tăng huyết áp không rõ nguyên nhân. Những gene liên quan đến một căn bệnh cụ thể hoặc các bệnh tương tự nhau có xu hướng nằm trong cùng một khu vực trong các mạng sinh học và có thể dự đoán vị trí của chúng ở trên mạng. Đã có nhiều phương pháp phân tích mạng lưới được đề xuất nhằm giải quyết vấn đề này. Bài báo trước hết giúp người đọc tiếp cận và làm chủ các khái niệm cơ bản về các mạng sinh học, gen bệnh và các đặc tính của chúng. Sau đó, nội dung chính bài báo phân tích và đánh giá các phương pháp phân tích thường dùng gần đây để tìm các gen bệnh trên 02 mạng: mạng tương tác protein (Protein-protein interaction) và mạng tín hiệu tế bào (Cellular signaling network). Cuối cùng là thảo luận ý nghĩa của các phương pháp và đề xuất một số hướng nghiên cứu tương lai.

**Từ khóa:** Gen bệnh, dự đoán, mạng sinh học.

**ABSTRACT** Identifying the genes causing a genetic disease is a key challenge in field of biomedical, because the list of them is still incompletewhile it decided to early diagnosis and treatment of serious diseases caused by genome such as autism, cancer, drug resistance, and hypertension of unknown cause. A common view is that genes related to a specific or similar disease tend to reside in the same neighbourhood of biomolecular networks. Recently, based on such observations, many methods have been developed to tackle this challenge. In this review, we firstly introduce the concept of disease genes and their properties. Then we review the recent computational approaches for identifying disease genes based on 02 networks: Protein-Protein Interaction (PPI) network, Signaling network and investigate their advantages and disadvantages. Finally, we discuss key issues in identifying disease genes and point out some future research directions.

**Keywords:** Disease gene, predict, biological network.