

1) Иммунный ответ на вакцинацию

vaccine_data_2026.txt

Клиническое исследование иммуногенности различных платформ вакцин (mRNA, вирусный вектор, белковый субъединичный) у добровольцев с измерением параметров в три временные точки: до вакцинации (Baseline), через 2 недели (Week2 - пиковый ответ) и через 3 месяца (Month3 - оценка стойкости иммунитета). Изучается влияние демографических факторов, генетических маркеров (HLA-типы) и предшествующего иммунитета на силу гуморального и клеточного иммунного ответа.

Столбцы:

- ParticipantID - уникальный идентификатор участника
- Timepoint - временная точка измерения: Baseline (до вакцинации), Week2 (через 2 недели - пик ответа), Month3 (через 3 месяца - оценка стойкости)
- Sex - пол участника (Male/Female)
- Ethnicity - этническая принадлежность (Caucasian, Asian, African, Hispanic, Other)
- Previous_Infection - наличие предшествующей инфекции (Yes/No)
- Vaccine_Type - тип полученной вакцины: mRNA, Viral_Vector, Protein_Subunit, Placebo (контроль)
- HLA_Type - тип HLA-аллеля (A02:01, A24:02, B07:02, B44:02, Other); влияет на презентацию антигена
- Age - возраст участника в годах
- BMI - индекс массы тела (кг/м²)
- Antibody_IgG - уровень IgG-антител (МЕ/мл)
- T_Cell_Response - Т-клеточный ответ по IFN- γ ELISpot (spot-forming cells)
- Neutralizing_Titer - титр нейтрализующих антител
- Adverse_Event_Severity - тяжесть системных побочных эффектов (0-3): 0=нет, 1=легкие, 2=умеренные, 3=тяжелые

2) CRISPR-Cas9 скрининг с временной динамикой

crispr_data_2026.txt

Полногеномный CRISPR-Cas9 скрининг в 3 клеточных линиях (2 BRCA1-мутантные и 1 Wild Type) для поиска генов, нокаут которых избирательно убивает клетки с дефектом репарации ДНК (с мутацией в гене BRCA1). Эксперимент отслеживается в динамике (Day 0, 7, 14, 21) для изучения кинетики обеднения/обогащения клеток с различными генетическими нокаутами, которое оценивается с помощью кратного изменения количества выживших клеток (Log2FoldChange).

Столбцы:

- Gene_Name - уникальный идентификатор таргетного гена
- Chromosome - хромосома, на которой расположен ген
- Cell_Line - клеточная линия: BRCA1_mut_A и BRCA1_mut_B (мутантные по BRCA1, дефект гомологичной рекомбинации), WT (дикий тип, нормальная репарация ДНК)
- Timepoint - временная точка измерения после трансдукции: Day_0 (baseline, до отбора), Day_7 (ранний эффект), Day_14 (пик эффекта для синтетической летальности), Day_21 (поздний эффект, гибель клеток)
- Gene_Category - функциональная категория гена в контексте скрининга: essential (эссенциальный, нужен для выживания всех клеток), synthetic_lethal (синтетически летальный, летален только в BRCA-мутантах), neutral (нейтральный, нокаут не влияет на выживаемость), protective (защитный, нокаут усиливает пролиферацию)
- Gene_Biotype - тип гена по геномной аннотации: protein_coding (белок-кодирующий), lncRNA (длинная не кодирующая РНК), pseudogene (псевдоген), miRNA (миРНК)
- Pathway - участие продукта гена в биологическом пути: DNA_Repair, Cell_Cycle, Apoptosis, Metabolism, Other
- GC_Content - усредненное GC-содержание спейсерной последовательности sgRNA
- sgRNA_Count - количество уникальных sgRNA на ген
- Log2FoldChange - логарифмическое изменение количества клеток с нокаутом данного гена в данной временной точке относительно baseline. Отрицательные значения = обеднение (нокаут снижает выживаемость), положительные = обогащение (нокаут даёт преимущество)
- P_value - статистическая значимость изменения количества клеток
- Essentiality_Score - базовая важность гена для выживания клетки (0-1), рассчитанная из независимых предыдущих исследований. Эссенциальные гены: 0.8-1.0; синтетически летальные: 0.3-0.6; защитные: 0.2-0.5; нейтральные: 0-0.3

- Expression_Value - уровень экспрессии гена, выраженный в $\log_2(\text{TPM}+1)$, по данным RNA-seq, измеренного в тех же клеточных линиях до CRISPR скрининга
- S_Phase_Fraction - доля клеток в S-фазе клеточного цикла (%) по данным проточной цитометрии (PI staining), измеренная для популяции клеток с нокаутом данного гена

3) Лонгитюдное исследование микробиома при воспалительных заболеваниях кишечника

microbiome_data_2026.txt

Лонгитюдное исследование динамики состава кишечного микробиома у пациентов с воспалительными заболеваниями кишечника (болезнь Крона и язвенный колит) в течение 12 недель терапии препаратами или плацебо. Оценивается влияние диеты, антибиотиков, курения и лечения на разнообразие микробиоты, соотношение основных бактериальных групп и концентрацию метаболитов.

Столбцы:

- PatientID - уникальный идентификатор пациента
- Timepoint - временная точка: Baseline (до лечения), Week4 (4 недели), Week12 (12 недель)
- Treatment_Group - группа лечения: Treatment (терапия) или Placebo (контроль)
- Sex - пол пациента (Male/Female)
- Disease_Type - тип заболевания: CD (Crohn's Disease - болезнь Крона) или UC (Ulcerative Colitis - язвенный колит)
- Diet_Type - тип диеты: Mediterranean (средиземноморская), Standard_Western (стандартная западная), Vegetarian (вегетарианская)
- Antibiotic_Use - прием антибиотиков в течение исследования (Yes/No)
- Smoking_Status - статус курения: Never (никогда), Former (бросил), Current (курит)
- Age - возраст пациента в годах
- Clinical_Score - клинический индекс активности заболевания (CDAI); чем выше, тем тяжелее состояние
- Shannon_Diversity - индекс разнообразия микробиома Шеннона; чем выше, тем больше разнообразие и лучше состояние
- Firmicutes_Bacteroidetes_Ratio - соотношение Firmicutes/Bacteroidetes; маркер дисбиоза
- Bacteroides_Fraction - доля бактерий рода Bacteroides в микробиоте; продуценты короткоцепочечных жирных кислот
- SCFA_Concentration - концентрация короткоцепочечных жирных кислот (мкМ/л)