

DOI: <https://doi.org/10.31089/1026-9428-2021-61-11-734-739>

УДК 57.087.23

© Степанян И.В., 2021

Степанян И.В.

Исследование возможностей метода характеристических паттернов для графического представления больших объёмов информации

ФГБУН «Институт машиноведения им. А.А. Благонравова» РАН, ул. Бардина, 4, Москва, Россия, 119334

Рассмотрены новые вызовы эргономики и медицины труда, включая новые риски, вопросы профилактики и этики. Проведён обзор современных биоинформационных систем и методов визуализации в биоинформатике. Проанализированы риски здоровью при взаимодействии человека с большими объёмами текстовой информации и передовые компьютерные методы профилактики компьютерного синдрома, включая перенапряжение зрительного анализатора, боли в спине, шее и кистях рук. Цель исследования — анализ представлений наследственной молекулярно-генетической информации в виде доступных для визуального восприятия графических паттернов, характеризующих исходные данные, а также исследование возможности визуализации больших объёмов данных с помощью метода характеристических паттернов. Основные результаты: разработаны новые методы представления больших объёмов наследственной генетической информации в биоинформационных системах. Эти методы основаны на компьютерных алгоритмах обработки информации. Методы позволяют визуально оценить различия в генетическом строении различных видов живых организмов, а также выявить особенности их нуклеотидного состава. Сделан вывод о том, что фиксация внутренней упорядоченности информационного сигнала в виде индивидуальной графической квазифрактальной структуры является характерной особенностью рассмотренных методов, что позволяет расширить возможности визуально-аналитического мышления человека при его взаимодействии с большими объёмами информации посредством инструментальных средств биоинформатики.

Ключевые слова: информационная эргономика; когнитивная эргономика; биоинформатика; визуализация; наследственная информация; профилактика перенапряжения и стрессов; киберфизические системы

Для цитирования: Степанян И.В. Исследование возможностей метода характеристических паттернов для графического представления больших объёмов информации. *Мед. труда и пром. экол.* 2021; 61(11): 734–739. <https://doi.org/10.31089/1026-9428-2021-61-11-734-739>

Для корреспонденции: Степанян Иван Викторович, вед. науч. сотр. отдела «Вибрационная биомеханика» Института машиноведения им. А.А. Благонравова РАН, д-р биол. наук, канд. техн. наук. E-mail: neurocomp.pro@gmail.com

Финансирование. Исследование не имело спонсорской поддержки.

Конфликт интересов. Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

Дата поступления: 22.10.2021 / Дата принятия к печати: 02.11.2021 / Дата публикации: 06.12.2021

Ivan V. Stepanyan

Investigation of the capabilities of the method of characteristic patterns for graphical presentation of large amounts of information

Mechanical Engineering Research Institute of the Russian Academy of Sciences (IMASH RAN), 4, Bardina str., Moscow, 119334

The author examines new challenges of ergonomics and occupational health, including unknown risks, issues of prevention, and ethics. The author also presents an overview of modern bioinformatics systems and visualization methods in bioinformatics. The researcher analyzed the health risks of human interaction with large volumes of textual information and advanced computational methods to prevent computer syndrome, including overstrain of the visual analyzer and pain in the back, neck, and hands. The study aims to analyze the representations of hereditary molecular genetic information in the form of graphic patterns available for visual perception, characterizing the initial data, and study the possibility of visualizing large amounts of data using the method of characteristic patterns. The author developed new methods of presenting large volumes of hereditary genetic information in bioinformatic systems. The basis of the method is information processing based on computer algorithms. The methods allow us to visually assess the differences in the genetic structure of various species of living organisms and identify the features of their nucleotide composition. The fixation of the internal ordering of the information signal in an individual graphical quasi-fractal structure is a characteristic feature of the methods considered. It makes it possible to expand the possibilities of visual-analytical thinking of a person when interacting with large amounts of information through bioinformatics tools.

Keywords: information ergonomics; cognitive ergonomics; bioinformatics; visualization; hereditary information; prevention of overstrain and stress; cyberphysical systems

For citation: Stepanyan I.V. Investigation of the capabilities of the method of characteristic patterns for graphical presentation of large amounts of information. *Med. truda i prom. ekol.* 2021; 61(11): 734–739. <https://doi.org/10.31089/1026-9428-2021-61-11-734-739> (in Russian).

For correspondence: Ivan V. Stepanyan, leading researcher of Vibrational Biomechanics department, Mechanical Engineering Research Institute, RAS, Dr. of Sci. (Biol.), Cand. of Sci. (Tech). E-mail: neurocomp.pro@gmail.com

Funding. The study had no funding.

Conflict of interests. The author declares no conflict of interests.

Received: 22.10.2021 / Accepted: 02.11.2021 / Published: 06.12.2021

Новые вызовы эргономики и медицины труда: риски, профилактика, этика. Человеческий фактор определяет эргономику взаимодействия между человеком и элементами киберфизической системы в целях обеспечения здоровья человека при оптимизации общей производительности системы. Возросшее значение киберфизических систем и технологий требует научного обоснования методов и критериев их оценки и разработки гигиенических рекомендаций.

Информационная эргономика — набор принципов взаимодействия человека с информацией и киберфизическими системами в рамках концепции информационной гигиены (рис. 1).

Перераспределение физических факторов в новых условиях, связанных с удалённой работой, способствует росту доли взаимодействия человека с информацией и возникновению новых факторов риска здоровью. В первую очередь, это относится к увеличению времени работы за компьютером посредством устройств ввода/вывода и специализированных пользовательских интерфейсов. Для решения этой проблемы активно развиваются эффективные технические решения. В частности, для профилактики перенапряжения с глаз при вводе текстовой информации разработаны системы голосового ввода, которые в настоящее время предоставляются в открытом доступе рядом компаний.

Когнитивная эргономика изучает когнитивные способности человека с целью оптимизации функционирования киберфизических систем, благополучия и здоровья человека. Она оценивает и разрабатывает задачи, рабочие места, продукты, среду, системы и их взаимодействие с людьми с учётом когнитивных способностей человека.

С другой стороны, этические вопросы киберфизических систем обуславливают оценку динамики процессов интеграции интеллектуальных систем в трудовые отношения и социальные процессы для предотвращения использования роботов и искусственного интеллекта против человечества. В рамках концепции робоэтики данные факторы риска оценивает киберфилософия.

Международная эргономическая ассоциация связывает когнитивную эргономику с такими психическими процессами, как восприятие, память, рассуждение и двигательная реакция [1]. Соответствующие темы включают информационную и умственную нагрузку, аллостаз, рабочий стресс, принятие решений, взаимодействие человека с компьютером, надёжность, обучение и квалифицированный труд. В то же время, растущая доступность различных мультимедийных информационных систем (консоли операторов, мобильные, навигационные системы и пр.) обуславливает применение методов информационной эргономики.

С ростом объёмов больших генетических данных все более актуальными становятся компьютерные методы усиления естественного интеллекта на основе когнитивной компьютерной графики. В данной работе рассмотрены научно-методические вопросы эргономики восприятия больших объёмов наследственной молекулярно-генетической информации на примере новых алгоритмов визуализации. Актуальность исследования обусловлена развитием матричной генетики С.В. Петухова [2] и следующего из неё генометрического подхода [3].

Обзор современных биоинформационных систем и методов визуализации в биоинформатике. Инструменты биоинформатики являются средствами анализа биологических данных и способствуют получению новых знаний для биологии и медицины. Размеры биоинформационных баз данных интенсивно растут, что требует разработки новых решений для повышения их производительности и оптимизации их эргономических качеств.

На сегодняшний день биоинформационные ресурсы разбросаны по нескольким базам данных и часто не имеют единого портала для аннотирования и анализа. Национальный центр информации по биотехнологии (NCBI) создал базу данных *dbSNP* [4], данные которой интегрированы с другими источниками информации — *GenBank*, *PubMed*, *LocusLink* и др. В [5] рассматривается несколько общедоступных инструментов биоинформатики и ресурсов данных, которые широко используются для интегрированного многомерного анализа и визуализации

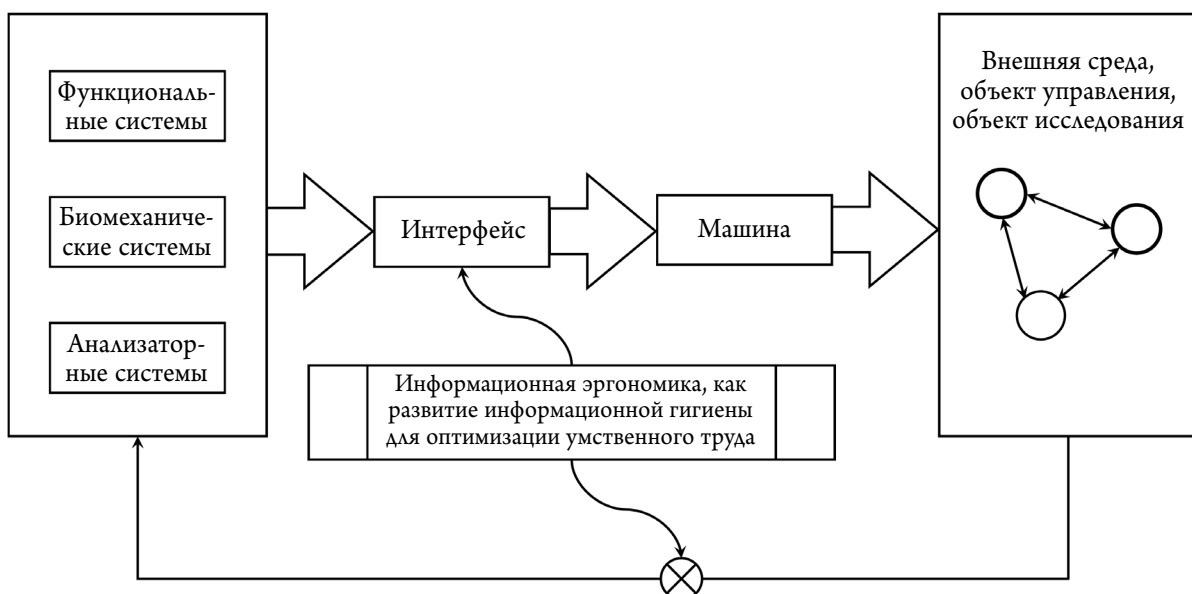


Рис. 1. Информационная эргономика в киберфизических системах
Fig. 1. Information ergonomics in cyberphysical systems

для иммунотерапии рака. Кластеризация и классификация биологических данных по экспрессии генов предлагает мощный подход к выявлению раковых заболеваний. В [6] описана система *GENEASE* с доступом к более чем 50 различным базам данных для облегчения поиска генов и их анализа в режиме реального времени. При этом совокупность ресурсов биоинформатики быстро расширяется, что ставит перед учёными задачу выбора подходящих инструментов. Для решения этой проблемы Европейская инфраструктура биологической информации предоставила портал <https://bio.tools>, с помощью которого научные сообщества и разработчики могут описывать свои собственные ресурсы биоинформатики и обмениваться ими.

Интенсивно развиваются узкоспециализированные биоинформационные системы. В [7] приведён обзор около тысячи инструментов биоинформатики, разработанных для изучения микро-РНК. В обзоре [8] собрали около ста инструментов биоинформатики в публикациях, посвящённых круговым РНК (*circular RNAs*). В [9] рассмотрены биоинформационные инструменты исследования *CRISPR-Cas9* для облегчения редактирования целевых генов в эукариотических геномах. Кластерные регулярно чередующиеся короткие палиндромные повторы (*CRISPR*) и связанные с ними белки (*Cas*) являются важнейшими генетическими элементами многих архейных и бактериальных геномов, играя ключевую роль в иммунной системе прокариот. В [10] описан инструмент выравнивания *Ribbon*, который использует интуитивный способ визуализации для сравнения геномов.

Следует отметить, что несмотря на появление новых алгоритмов исследования больших биологических данных, их недостатком является невозможность простой, интуитивно понятной и удобной визуальной идентификации нуклеотидного состава генетических последовательностей.

Информация является одним из факторов профессионального риска здоровью. В [11] упоминается, что от 64% до 90% пользователей ЭВМ испытывают компьютерный синдром как реакцию организма на работу с компьютером. Компьютерный синдром, он же компьютерный зрительный синдром — это реакция организма человека на длительную работу за компьютером (термин появился в 1998 г. по инициативе Американской ассоциации офтальмологов). Работа за компьютером также связана с болями в спине, шее и кистях рук, а также с другими нарушениями здоровья.

В то же время развиваются новые методы профессиональной эргономики [12] для взаимодействия человека с различными информационными системами. В [13] изучены данные о клинических, патогенетических, прогностических и терапевтических аспектах компьютерного синдрома. В [14] показано, что методы эргономики позволяют по-новому взглянуть на деятельность человека с использованием больших объёмов данных. В [15, 16] выявлены когнитивные факторы, которые необходимо учитывать при разработке систем поддержки принятия решений на основе больших объёмов данных, в частности, рассмотрены когнитивные ограничения человека, проявляющиеся в контексте анализа данных. Таким образом, принципы когнитивной эргономики позволяют снизить риски здоровью и способствуют оптимизации умственного труда при взаимодействии операторов с информационными потоками и большими объёмами данных.

С точки зрения когнитивной эргономики интерес представляют развивающиеся в настоящее время методы

автоматически генерируемой компьютерной графики. В [17] была разработана система автоматической визуализации текста, которая на вход принимает текст на естественном языке и создаёт на его основе интерактивную трёхмерную сцену. В [18] представлен метод получения информации из текста с использованием анализа текстовой сети. Автоматически генерируемая структура в сочетании с другими показателями может использоваться для определения уровня когнитивного разнообразия текста. Ранее для оптимизации умственного труда нами был разработан алгоритм автоматически генерируемой когнитивной графики на базе нейросемантического подхода для преобразования линейного информационного потока в многодольный иерархический граф [19].

Таким образом, несмотря на прогресс в области машинного обучения, в настоящее время проблема анализа и визуализации больших генетических данных окончательно не решена. Следовательно, существует необходимость в разработке новых инструментов эффективного и результативного решения специфических вопросов геномики на основе методов визуализации и когнитивной компьютерной графики для профилактики компьютерного синдрома.

Эргономические методы обработки больших данных и наследственной информации. Материальными носителями наследственной информации являются нуклеиновые кислоты ДНК и РНК. Соответствующая информация хранится в компьютерах в виде символьных последовательностей для дальнейшего анализа методами биоинформатики и математической статистики. Для повышения эргономических качеств и оптимизации зрительного восприятия больших объёмов генетических данных, нами был предложен метод обработки информации, основанный на так называемых ДНК-алгоритмах [3]. Эти алгоритмы, которые в данной работе рассматриваются как метод характеристических паттернов, были разработаны нами при исследовании молекулярно-генетических и структурных свойств длинных нуклеотидных последовательностей. Соответствующий подход назвали генометрическим.

Исследование длинных генетических нуклеотидных последовательностей с помощью генометрического подхода можно отнести к проблеме зрительного восприятия больших данных. Концептуальная схема с вариантами представления генетической информации на зрительный анализатор человека представлена на **рисунке 2**. Схематически показано поступление информации на зрительный анализатор.

Важным преимуществом предлагаемого подхода, результат которого на первый взгляд может показаться простым мозаичным набором пятен, напоминающим *Qr*-код, логически поясняется следующим образом. Известно, что ДНК человека и шимпанзе совпадают на 98–99%. Соответственно характеристические паттерны их ДНК являются идентичными по мозаике. В то же время, при существенном различии в строении ДНК различных организмов, характеристические паттерны их ДНК также будут существенно различаться между собой.

Метод характеристических паттернов, основанный на ДНК-алгоритмах, позволяет выявить особенности строения хромосом на больших масштабах, выделяя крупные кластерные ДНК-структуры (носящие, как правило, квазифратальный характер). При этом, точечные мутации или небольшие различия в генах фиксируются предлагаемым методом не чётко, поскольку малых изменений

недостаточно для формирования чётких визуально различимых структур.

При работе стандартными средствами биоинформатики и сравнении ДНК организмов с существенно различным нуклеотидным составом обычная программа не даст визуальный характеристический паттерн, а будет размечать все гены и локусы с возможностью масштабирования и статистической обработки, что способствует развитию компьютерного зрительного синдрома как реакции на длительную работу за компьютером. Здесь очевидны преимущества быстрой визуализации генетических данных новым методом для их первичного визуального сопоставления.

Отметим, что при переводе больших данных произвольной природы к тетра-представлению с помощью перекодировки последовательности символов в четверичный код, аналогичным образом получаем квазифрактальные структуры, характеризующие исходные данные. Характерно, что шумовой сигнал имеет хаотичный характеристический паттерн. Данная особенность тетра-представлений информации является свойством четверичного кода, который используется природой для кодирования генетической информации четвёркой нуклеотидов.

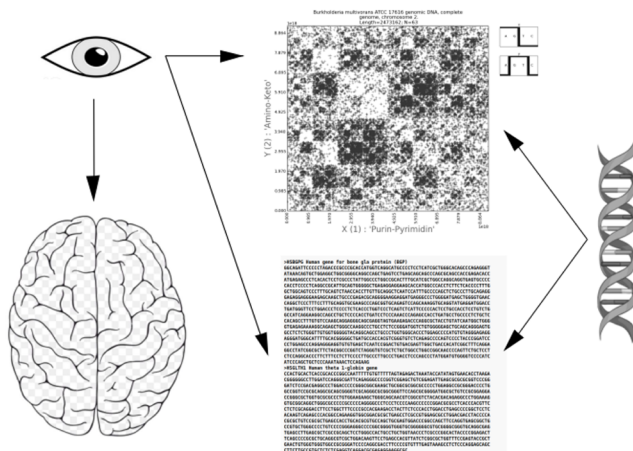


Рис. 2. Пути восприятия графического представления наследственной информации в виде последовательности буквенных обозначений (фрагмент ДНК снизу) и визуализация целой хромосомы в виде характеристического квазифрактального паттерна (вся ДНК сверху).

Fig. 2. Ways of perceiving the graphical representation of hereditary information in the form of a sequence of letter designations (a fragment of DNA from below) and visualization of the whole chromosome in the form of a characteristic quasi-fractal pattern (all DNA from above).

Результатом генометрической обработки произвольной информации является визуализация, которая может интерпретироваться как знак или символ. Различные варианты визуализации позволяют оценить символический состав информационного сигнала и отследить его изменения на различных участках хромосомы с возможностью масштабирования при различных значениях масштаба N . Также, с помощью масштабирования можно оценить структуру того или иного участка сигнала.

Левое полушарие отвечает за логику и анализ исходной текстовой информации, правое — за графический образ, которому свойственна индивидуальная квазифрактальная

структура, зависящая от нуклеотидного состава. С учётом того, что графическое представление способствует идентификации генетической информации, метод характеристических паттернов позволяет дополнительно задействовать правополушарное мышление для расширения аналитических возможностей при визуальном анализе. В частности, графическое представление можно использовать для маркировки и аннотирования генетических данных.

Произвольный сигнал может быть перекодирован и представлен в четверичном коде с использованием генетического алфавита нуклеотидов по аналогии с тем, как информация хранится в памяти компьютера в двоичном виде. Перевод информационного сигнала как последовательности символов произвольного конечного алфавита в четверичный код (тетра-представление) позволяет применять характеристические паттерны визуализации для отображения любой информации. При этом преобразования сохраняют свойства отображения характерной кластерной структуры информации, если исходный сигнал не является хаотическим. Большие объёмы текстовых данных различной тематики на естественных языках или языках программирования, а также бинарные данные, хранящиеся в памяти компьютеров, могут иметь доступные для визуального анализа генометрические представления в различных параметрических пространствах.

Таким образом, методы характеристических паттернов позволяет автоматически генерировать когнитивную компьютерную графику для разномасштабной визуализации внутренней структуры сигналов различной природы. Это может быть полезно для визуализации и выявления областей с различным информационным составом внутри того или иного информационного сигнала, а также для сравнительного анализа различных сигналов и геномов.

Результаты и обсуждение. Способность фиксировать внутреннюю упорядоченность информационного сигнала в виде индивидуальной фрактальной структуры является важной особенностью характеристических паттернов. В связи с этим, применение соответствующих методов для первичного исследования больших данных, представленных в текстовой форме, позволяет применить данный метод для расширения возможностей взаимодействия операторов с большими данными произвольной природы, а также для повышения эргономических качеств специализированных графических пользовательских интерфейсов (GUI) биоинформационных систем. В частности, характеристические паттерны можно применять для визуальной оценки распределений частот в сигналах.

В связи с тем, что хорошо видны особенности в нуклеотидном составе ДНК/РНК различных организмов, можно сделать вывод о том, что возможна эргономичная визуализация молекулярно-генетических данных на основе предложенного подхода. В отличие от генетических текстов, тексты на естественных языках не имеют столь больших различий между собой при визуализации их паттернов. Одним из перспективных вариантов применения результатов исследований на основе характеристических паттернов в области эргономики восприятия является возможность привлечения неспециалистов для сопоставления генетических и фенотипических данных живых организмов, а также для поиска неизвестных ранее закономерностей в других предметных областях в рамках концепции «краудфандинга».

Тексты на естественном языке можно анализировать на фонетическом и морфологическом уровнях. В связи с

этим, для дальнейшей систематизации отображений важен способ кодирования с учётом особенностей внутренней структуры самих информационных сигналов. Особенный интерес представляет учёт циклических колебаний различных биологических процессов, таких как циклы сердечного ритма, циркадные ритмы, анализ интенсивности речи и т. п. [20].

Заключение. Метод характеристических паттернов даёт наиболее наглядные результаты в задачах биоинформатики. Он способствует получению новой информации о свойствах нуклеотидных последовательностей за счёт вычислительных методов визуализации, отображающих кластерную структуру генетической информации. Эта информация способствует сопоставлению ДНК различных организмов, а также выявлению индивидуальных особенностей строения.

Визуальный анализ информации методом характеристических паттернов способен снизить нагрузку на зрительный анализатор при первичном исследовании данных, представленных в текстовой форме. Это позволяет применить алгоритмы при взаимодействии человека с различными информационными потоками и тетра-представлениями текстовых данных, а также расширить возможности визуально-аналитического мышления при взаимодействии с

большими объёмами генетических данных посредством графических пользовательских интерфейсов биоинформационных систем нового поколения.

Результат обработки информации, представленной в текстовом виде — объект дискретной геометрии, проекции которого могут служить для визуальной идентификации внутренней структуры информации, а также для интерпретации в качестве характеристических символов. Преобразования обладают свойством визуализации кластерной кластерной структуры информации. Визуальной классификации поддаются генетические нуклеотидные последовательности, а также тексты на естественном языке, что способствует повышению производительности умственного труда при анализе больших данных.

В целом это способствует измерениям, оценке и нормированию информации, достижению адекватности умственных нагрузок и профилактике нервно-эмоционального перенапряжения исследователей, работающих с большими объёмами наследственной молекулярно-генетической информации, конструктивному развитию методов искусственного интеллекта, дополненной и виртуальной реальности, а также исследованию их этических и гигиенических аспектов.

Список литературы

1. Сергеев С.Ф. и др. II Международная научно-практическая конференция «Эрго 2016: Человеческий фактор в сложных технических системах и средах». *Психологический журнал*. 2017; 38(1): 136–8.
2. Petoukhov S.V. Genetic coding and united-hypercomplex systems in the models of algebraic biology. *Biosystems*. 2017; 158: 31–46.
3. Степанян И.В. Масштабно-параметрическая визуализация нуклеиновых кислот. *Научная визуализация*. 2020; 12(3): 61–78. <https://doi.org/10.26583/sv.12.3.06>
4. Sherry S.T. et al. dbSNP: the NCBI database of genetic variation. *Nucleic Acids Research*. 2001; 29(1): 308–311.
5. Palmisano A. et al. *Bioinformatics Tools and Resources for Cancer Immunotherapy Study. Biomarkers for Immunotherapy of Cancer: Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology*. Eds.: M. Thurin, A. Cesano, F.M. Marincola. New York, NY: Springer, 2020: 649–78.
6. Ghandikota S., Hershey G.K.K., Mersha T.B. GENEASE: real time bioinformatics tool for multi-omics and disease ontology exploration, analysis and visualization. *Bioinformatics*. 2018; 34(18): 3160–8.
7. Chen L. et al. Trends in the development of miRNA bioinformatics tools. *Briefings in Bioinformatics*. 2019; 20(5): 1836–52.
8. Chen L. et al. The bioinformatics toolbox for circRNA discovery and analysis. *Briefings in Bioinformatics*. 2021; 22(2): 2021: 1706–28.
9. Alkhnbashi O.S. et al. CRISPR-Cas bioinformatics: Methods for characterizing, applying, and teaching CRISPR-Cas systems. *Methods*. 2020; 172: 3–11.
10. Ribbon: intuitive visualization for complex genomic variation. *Bioinformatics*. Oxford Academic. <https://academic.oup.com/bioinformatics/advance-article-abstract/doi/10.1093/bioinformatics/btaa680/5885081> (дата обращения: 28.11.2020).
11. Teo C., Giffard P., Johnston V., Treleven J. Computer vision symptoms in people with and without neck pain. *Applied Ergonomics*. 2019; 80: 50–6.
12. Robert G. Radwin, SangHyun Lee, Kang Li, Max Lieblich, Byoung-keon Daniel Park. Discussion Panel on Computer Vision and Occupational Ergonomics. 2016. <https://journals.sagepub.com/doi/abs/10.1177/1541931213601220> (дата обращения: 28.11.2020).
13. Munshi S., Varghese A., Dhar-Munshi S. Computer vision syndrome — A common cause of unexplained visual symptoms in the modern era. *International Journal of Clinical Practice*. 2017; 71(7): E12962.
14. Walker G., Strathie A. Big data and ergonomics methods: A new paradigm for tackling strategic transport safety risks: Transport in the 21st Century: The Application of Human Factors to Future User Needs. *Applied Ergonomics*. 2016; 53: 298–311.
15. Araujo C.L.D.O., Santos T.J.N., Galvão H.M. Decision-Making by Data, An Application of Data Science with Cognitive Ergonomics. *International Journal of Advances in Agriculture Sciences*. 2018.
16. Kalakoski V., Henelius A., Oikarinen E., Ukkonen A., Puolamäki K. Cognitive ergonomics for data analysis. Experimental study of cognitive limitations in a data-based judgement task. *Behaviour & Information Technology*. 2019; 38(10): 1038–47.
17. Gehrmann S., Strobelt H., Rush A.M. GLTR: Statistical Detection and Visualization of Generated Text. arXiv: 1906.04043 [cs], 2019, GLTR.
18. Paranyushkin D. *Generating Insight Using Text Network Analysis*. The World Wide Web Conference: WWW'19. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery; 2019. InfraNodus: 3584–3589.
19. Степанян И.В., Денисов Э.И., Еремин А.А., Бодякин В.И., Савельев А.В. Алгоритмы оптимизации интеллектуального труда методами визуализации информации с помощью когнитивной семантической графики. *Нейрокомпьютеры: разработка, применение*. 2014; 7: 53–59.
20. Denisov E.I. Robots, artificial intelligence, augmented and virtual reality: ethical, legal and hygienic issues. *Gigiena i sanitariya*. 2019; 98; 1: 5–10.

References

1. Sergeev S.F. et al. II International Scientific and Practical Conference "Ergo 2016: The Human Factor in Complex Technical Systems and Environments". *Psikhologicheskij zhurnal*. 2017; 38 (1): 136-8.
2. Petoukhov S.V. Genetic coding and united-hypercomplex systems in the models of algebraic biology. *Biosystems*. 2017; 158: 31-46.
3. Stepanyan I.V. A multiscale model of nucleic acid imaging. *Nauchnaya Vizualizatsiya*. 2020; 12(3): 61-78. <https://doi.org/10.26583/sv.12.3.06>
4. Sherry S.T. et al. dbSNP: the NCBI database of genetic variation. *Nucleic Acids Research*. 2001; 29(1): 308-11.
5. Palmisano A. et al. *Bioinformatics Tools and Resources for Cancer Immunotherapy Study. Biomarkers for Immunotherapy of Cancer: Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology*. Eds.: M. Thurin, A. Cesano, F.M. Marincola. New York, NY: Springer, 2020: 649-78.
6. Ghandikota S., Hershey G.K.K., Mersha T.B. GENEASE: real time bioinformatics tool for multi-omics and disease ontology exploration, analysis and visualization. *Bioinformatics*. 2018; 34(18): 3160-8.
7. Chen L. et al. Trends in the development of miRNA bioinformatics tools. *Briefings in Bioinformatics*. 2019; 20(5): 1836-52.
8. Chen L. et al. The bioinformatics toolbox for circRNA discovery and analysis. *Briefings in Bioinformatics*. 2021; 22(2) 2021: 1706-28.
9. Alkhnbashi O.S. et al. CRISPR-Cas bioinformatics: Methods for characterizing, applying, and teaching CRISPR-Cas systems. *Methods*. 2020; 172: 3-11.
10. Ribbon: intuitive visualization for complex genomic variation. *Bioinformatics*. Oxford Academic. <https://academic.oup.com/bioinformatics/advance-article-abstract/doi/10.1093/bioinformatics/btaa680/5885081> (Accessed: 28.11.2020).
11. Teo C., Giffard P., Johnston V., Treleaven J. Computer vision symptoms in people with and without neck pain. *Applied Ergonomics*. 2019; 80: 50-6.
12. Robert G. Radwin, SangHyun Lee, Kang Li, Max Lieblisch, Byoung-keon Daniel Park. Discussion Panel on Computer Vision and Occupational Ergonomics. 2016. <https://journals.sagepub.com/doi/abs/10.1177/1541931213601220> (Accessed: 28.11.2020).
13. Munshi S., Varghese A., Dhar-Munshi S. Computer vision syndrome — A common cause of unexplained visual symptoms in the modern era. *International Journal of Clinical Practice*. 2017; 71(7): E12962.
14. Walker G., Strathie A. Big data and ergonomics methods: A new paradigm for tackling strategic transport safety risks: Transport in the 21st Century: The Application of Human Factors to Future User Needs. *Applied Ergonomics*. 2016; 53: 298-311.
15. Araujo C.L.D.O., Santos T.J.N., Galvão H.M. Decision-Making by Data, An Application of Data Science with Cognitive Ergonomics. *International Journal of Advances in Agriculture Sciences*. 2018.
16. Kalakoski V., Henelius A., Oikarinen E., Ukkonen A., Puolamäki K. Cognitive ergonomics for data analysis. Experimental study of cognitive limitations in a data-based judgement task. *Behaviour & Information Technology*. 2019; 38(10): 1038-47.
17. Gehrmann S., Strobelt H., Rush A.M. GLTR: Statistical Detection and Visualization of Generated Text. arXiv: 1906.04043 [cs], 2019, GLTR.
18. Paranyushkin D. *Generating Insight Using Text Network Analysis*. The World Wide Web Conference: WWW'19. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery; 2019. InfraNodus: 3584-3589.
19. Stepanyan I.V., Denisov E.I., Eremin A.L., Bodyakin V.I., Savelyev A.V. Algorithms for optimizing intellectual work by methods of information visualization using cognitive semantic graphics. *Nejrokompyutery: razrabotka, primeneniye*. 2014; 7: 53-9.
20. Denisov E.I. Robots, artificial intelligence, augmented and virtual reality: ethical, legal and hygienic issues. *Gigiena i sanitariya*. 2019; 98; 1: 5-10.