

ТРАДИЦИОННЫЙ СБОР БИОИНФОРМАТИКОВ

Вновь новосибирский Академгородок собрал специалистов на конференцию по биоинформатике регуляции и структуры генома BGRS'2002. С 14 по 20 июля в Малом зале Дома ученых СО РАН шла напряженная работа.

Л. Юдина
"НСС"

Международная конференция по биоинформатике регуляции и структуры генома проводится каждые два года на базе Института цитологии и генетики Сибирского отделения РАН. Нынешняя — третья по счету. Хотя, если быть совсем точным...

— На самом деле конференция по данной тематике — четвертая. Первую провели в начале 90-х годов, и организатором ее выступил Вадим Александрович Ратнер, — сказал, открывая научный форум, директор Института цитологии и генетики СО РАН **академик В.ШУМНЫЙ**. — Не случайно все четыре конференции прошли в Новосибирске. Основы теоретической биологии заложены здесь. Назову имена ученых трех поколений, которые очень много сделали для развития данной области знаний: профессора А.Ляпунов, И. Полетаев, В.Ратнер и Н.Колчанов. Они создали хорошую школу по теоретической биологии, или, как мы сейчас говорим, — биоинформатике. Самое удивительное в том, что эти ученые предугадали события, к которым подходят только сейчас — расшифровку геномов. Сегодня очевидно, что только с помощью информационных технологий можно разобраться в их структуре. Это ключевое событие — объединение геномики и информационных технологий. В нашем институте мы стараемся максимально развить данное направление, что и продемонстрирует нынешняя конференция.



Теоретические исследования регуляторных последовательностей геномов — актуальнейшая из проблем биоинформатики, современной науки, родившейся на стыке генетики, молекулярной биологии, математики и компьютерных технологий. Результаты исследований, доложенные на форуме, еще раз убедительно подтверждают этот факт. Тематика конференции охватила широкий перечень тем:

— Широкомасштабный анализ и функциональная организация геномов в интернет-базах данных; компьютерное предсказание структуры генов и их регуляторных последовательностей;

- Сравнительная и эволюционная геномика; компьютерный анализ геномного полиморфизма;
- Структура белка и структурная организация генома в связи с процессами регуляции;
- Виртуальная (электронная) клетка. Моделирование генных сетей, путей передачи сигналов и метаболических путей: базы данных, базы знаний. Моделирование внутри- и межклеточных взаимодействий;
- Биоинформатика и экспериментальные исследования по функциональной геномике;
- Высокопроизводительные компьютерные системы в молекулярной биологии и молекулярной генетике, включающие получение знаний, хранение и обработку данных и моделирование;
- Биоинформатика и образование.

На конференции представлено около 80 устных докладов и 140 постерных сообщений. Большой интерес вызвали доклады сотрудников лаборатории теоретической генетики ИЦиГ, возглавляемой доктором биологических наук **Н.КОЛЧАНОВЫМ**. Кстати, именно на эту лабораторию легла основная нагрузка по организации конференции, а Н.Колчанов возглавил организационный комитет.



Биоинформатика особенно актуальна сегодня, в "постгеномную эпоху", наступившую совсем недавно, после полного секвенирования генома человека (расшифровки всех последовательностей ДНК) в рамках глобальной международной программы. Продолжаются проекты секвенирования геномов других организмов. На сегодняшний день полные последовательности ДНК известны более чем для 80 видов организмов. Сравнительная компьютерная геномика,

одно из приоритетных направлений биоинформатики, и центральных тем конференции, позволяет понять строение генов человека путем анализа генов других организмов, таких, как мышь, плодовая мушка, крестоцветный салат.

Сейчас перед мировым научным сообществом стоит задача функциональной аннотации геномов — описания структуры генов и их регуляторных участков в базах данных нуклеотидных последовательностей. Важнейшая из проблем — моделирование работы генов, их взаимодействия, механизмов функционирования генных сетей, определяющих внешние (фенотипические) признаки организма, наследственные заболевания. Такие исследования



открывают путь к практическому применению генодиагностики и генной инженерии. Ряд крупных международных организаций разрабатывает подходы к моделированию деятельности клетки. Исследование генных сетей, представляющих собой схему взаимодействия генов и опирающееся на использование специализированных баз данных, содержащих информацию о работе генов, основано на применении современных компьютерных технологий.



В работе престижной конференции BGRS'2002 принимают участие более двухсот специалистов в области генетики и биоинформатики из двадцати стран мира. Среди них такие известные ученые, как Эдгар Вингендер, Ральф Хофстадт и Хайнц Шрёдер (Германия), Акинори Сараи (Япония), Джон Рейнитц (США), Л.Киселев, Л.Животовский (Россия), научные представители деловых кругов Чарльз Ходгман, Игорь Горянин (ГСК, Великобритания).

Некоторые из участников BGRS'2002 высказали свое мнение о конференции.

Академик Ю.ЕРШОВ, директор Института дискретной математики и информатики, на вопрос, что привело его на конференцию, ответил:

— Название, а точнее, идея, заложенная в ней. Конференция, конечно, в основном, биологического уклона, но на ней обсуждаются возможности установления более глубокой связи между биологическими науками и математикой, информатикой. Открываются довольно широкие перспективы не только для совместных исследований, но и для более глубокого проникновения в суть проблемы. Новосибирск — Институт цитологии и генетики, Институт математики, другие коллективы находятся на передовых позициях в биоинформатике. Интересно послушать, как полученные результаты оцениваются коллегами.

Доктор биологических наук Михаил ГЕЛЬФАНД, ГосНИИГенетика, Москва:

— Хорошая, разумная конференция. Другой такой по биоинформатике регуляции и структуры генома в России не проводится. Есть прекрасная возможность увидеть сразу много интереснейших людей, пообщаться. Здесь очень сильная школа по биоинформатике.

Мы привезли в Новосибирск много студентов — для них очень полезно поучаствовать в научном мероприятии такого высокого уровня.

На конференции я выступаю с докладом "Эволюция альтернативного сплайсинга". Объясню суть проблемы. В геноме человека гены записаны не подряд, как у бактерий, где все понятно: часть ДНК — это ген. В геноме человека значимые области перебиваются незначимыми вставками — знаете, как реклама в телевизионной программе. Процесс, в ходе которого удаляются данные вставки (условно говоря, рекламные паузы) и называется сплайсингом.

Было известно, что у некоторых генов процесс сплайсинга проходит по-разному. Однако оказалось, что это не редкое явление, как думали раньше, а массовое — затрагивает до половины генов человека. Причем, наша группа чуть-чуть раньше других установила

данный факт. Это один из существеннейших механизмов порождения разнообразия белков у человека и всех многоклеточных животных.

В последние месяцы мы вели работу, цель которой — посмотреть, как проходит альтернативный сплайсинг у разных животных. В каждом случае — свои особенности. Суть не столько в наборе генов, сколько в том, как из гена образуются белки. Оказывается, что неожиданно большая доля генов по-разному сплайсируется у человека и мыши. Сегодня буду впервые докладывать о полученных результатах.

Профессор Н.ЗАГОРУЙКО, Институт математики, Новосибирск:

— На прошлой конференции присутствовал в качестве зрителя, и обнаружил массу интересного для себя, как математика. После начали активно сотрудничать с Институтом цитологии и генетики, и сейчас применяем разработанные нами методы анализа экспериментальных и статистических данных для решения ряда биологических задач. Накоплен колоссальный, фантастический объем информации, поле для приложения сил огромное. Задачи трудные, интересные. На нынешней конференции от нашей лаборатории анализа данных представлено пять докладов.

В ходе конференции устраивались "внутренние" мероприятия, решались организационные вопросы. ИНТАС (Европейская организация содействия ученым из стран бывшего СССР) провела две сессии. Параллельно с работой конференции прошло рабочее совещание ИНТАС, на котором обсуждены проекты сотрудничества Евросоюза и России в области биоинформатики. ИНТАС все годы активно поддерживает исследования в этом направлении.

Участники международной конференции отметили приближающийся юбилей В.Ратнера, заведующего лабораторией Института цитологии и генетики СО РАН, выдающегося российского ученого, одного из основателей мировой и российской биоинформатики и теоретической биологии. С большим вниманием была выслушана пленарная лекция ученого "Виртуальная реальность и системы управления".

Участники конференции в эти семь насыщенных рабочих дней не раз отмечали, что любят приезжать в Новосибирск: здесь всегда встречают сердечно, внимательны к каждому и стремятся сделать время пребывания гостей на сибирской земле наиболее приятным.

Каждому понятно, что сегодня такое крупное мероприятие, как международная конференция, без помощи спонсоров не одолеть. Спонсорам, финансовым и информационным, на BGRS'2002 было сказано отдельное большое спасибо. (Финансовыми спонсорами выступили ИЦиГ, СО РАН, РФФИ, ИНТАС, Министерство науки, промышленности и технологий РФ, фармацевтическая компания "ГлаксоСмитКляйн".)