

На стыке наук

В самый разгар лета в институте цитологии и генетики прошла международная конференция (традиционная, уже пятая по счету) по биоинформатике регуляции и структуры генома. Чтобы сделать понятным для читателей значение и смысл генетических мудрот, нам пришлось побеседовать с разными научными сотрудиниками.

Сначала собеседником была старший научный сотрудник Надежда Анатольевна Омелянчук из лаборатории теоретической генетики.

— Фактически нынешняя конференция, — рассказывала она, — посвящена системной биологии. Суть ее выражена в... Библии: было время разбрасывать камни, а наступило время их собирать. Системная биология как раз «камни», то есть знания, собирает. А после расшифровки, прочитывания генома человека и других организмов эти знания накапливаются лавинообразно. И все они разбросаны по очень многочисленным публикациям, часто не востребованы, и наука от этого проигрывает. Даже в том случае, когда исследователь занимается только одним растением, ему очень трудно освоить всю литературу, которая по нему накоплена. Конечно, компьютер ворвался в жизнь науки и облегчил в какой-то степени исследования. Но все равно ученые нередко разговаривают на разных уровнях. Хотя составлены уже сотни всяких программ. Одна их них может быть входом в другую программу, а та в третью... Это уже целый конвейер. Системная биология систематизирует знания, накопленные на разных уровнях, и сами компьютерные программы. Кроме того, она привлекает к анализу накопленного «вороха» знаний методы других наук. Например, математики и физики. Биология наконец-то становится настоящей теоретической наукой. Попытки были и раньше. Но ныне химик может прогнозировать эксперимент в биологии. То есть построить модель эксперимента, получить какой-то результат, а потом подтвердить его экспериментально.

Геном, как известно, всего лишь четыре буквочки, но в разных сочетаниях. Они прочитаны... но пока, скажем так, на уровне ребенка, который знает буквы и даже слоги, но в слова их еще сложить не может. Как не знает он еще, что эти слова означают. Системная биология стоит на трех китах. На биоинформатике прежде всего. Это ее основное ядро. Второй кит — функциональная геномика, предпринимающая попытки разобраться в блоках четырехбуквенных последовательностей разных организмов. И третий кит — теоретическая биология, в которой биология сливается с математикой, физикой и другими науками. Это то, что всегда развивалось в Сибирском отделении. Работа на стыках у нас сформировалась давно, и лидером одной из сильнейших научных школ был профессор Вадим Александрович Ратнер.

Кстати, один из председателей прошедшей конференции — ученый из Германии Ральф Ховестафт, когда учился в университете, прочитал книгу нашего Ратнера и твердо решил посвятить себя математической биологии. Когда он приехал в Новосибирск впервые, то сразу же сказал: «Я всю жизнь хотел познакомиться с профессором Ратнером».

— Как мы, например, сейчас, — продолжала рассказ Надежда Анатольевна, — работаем с учеными Санкт-Петербурга? У нас есть база данных по арабидопсису, к примеру. Это маленькое растение с очень коротким вегетационным периодом. Для моделирования и исследований — идеальный объект. В пробирках арабидопсис дает очень много семян. Да и

геном у него маленький, его первым секвенировали, то есть прочитали. Существующая база данных — это своеобразная подсказка, в том числе и для новых исследований у нас и в Питере. Она облегчает подход к отдельному гену, ускоряет понимание, какие изменения в растении вызывает мутация, и т. д. На базу, на платформу арабидопсиса ученые нанизывают информацию о других растениях. А теоретики собирают информацию и пытаются ее анализировать, моделировать происходящие процессы и предсказывать их результаты.

— А чем занимается молча и упорно в вашей лаборатории миниатюрная девушка?

— Она аспирантка, — пояснила Омелянчук. — Миронова Виктория Владимировна. Пришла к нам сразу после НГУ и даже ФМШ и очень быстро вошла в работу. Сейчас Вика — полноценный научный сотрудник лаборатории. Молодые ребята в институте замечательные: умные, хорошо образованные, с ними приятно работать. Они у нас на удивление быстро становятся специалистами.

Вика вполне самостоятельно ведет совместную работу с учеными Санкт-Петербурга. В лаборатории создают простой в понимании генетиков язык, который пригоден для описания многих биологических явлений и процессов.

Вот ведь как наука разрослась: ей еще и свой простой язык нужен, чтобы и «среди своих» понимать друг друга.

Вторым нашим собеседником был кандидат биологических наук и ведущий научный сотрудник Владимир Александрович Иванисенко.

— Моя группа, — сказал он, — занимается компьютерной протеомикой и молекулярным дизайном.

— Но почти все наши читатели едва ли этим занимаются. Поэтому поясните, пожалуйста, что такое компьютерная протеомика, о которой на конференции шла речь.

— Эта отрасль науки разбивается на два направления. Первое — экспериментальное, когда выявляют расшифровку белковых последовательностей путем масс-спектропии. А компьютерная протеомика включает в себя изучение структурно-функциональной организации белков и исследование их функций на уровне клетки и организма. Исследуются также и биохимические функции. Все это вместе и есть протеомика. Ее идеи возникли после расшифровки геномов многих организмов, включая и человека, и изучение всей совокупности белков и свойств, которые этим организмам принадлежат.

— Тоже не так просто, как хотелось бы, но давайте в вашем рассказе все же шагать дальше.

— На прошедшей конференции, — продолжал Владимир Александрович, — от моей группы было представлено три устных доклада и много стендовых.

— Не многовато ли для одной группы?

— Нет. Наша группа состоит из семнадцати студентов НГУ, которые уже, как говорится, вросли в науку. Причем это не только биологи, но и математики, химики, физики и другие. Да и не только студенты. В нее входят еще три аспиранта и кандидат физико-математических наук, который недавно пришел в биологию, но уже успешно занимается методами молекулярного моделирования с помощью компьютера, конечно. Состав группы еще раз подтверждает, что самые интересные задачи носят междисциплинарный характер. В нынешней биологии и химия, и математика, и физика. Я сам собирал этих ребят на разных факультетах НГУ. Задачи, которые ставил перед ними, постоянно усложнялись. Например, мы

заялись конструированием лекарственных препаратов, особенно противовирусных, включая вирус гепатита С, «общий» вирус гриппа, и недавно приняли участие в работе, связанной с вирусом птичьего гриппа. Мы обнаружили новый и совершенно неизвестный эффект: возможно, у вируса гриппа человека есть новый и ранее не изученный способ защиты против иммунной системы. Он основан на том, что некоторые белки (гемагглютинин) обладают такой способностью, что на многих участках на поверхности белковой молекулы они могут связывать ионы металлов. То есть они могут препятствовать взаимодействию белкам крови человека. Иначе говоря, вирус окружает себя ионным щитом и защищает себя от белков иммунной системы.

Этот эффект необходимо учитывать при разработке вакцин для борьбы с опасными для человека вирусами. Сейчас мы готовим публикацию со всеми доказательствами и результатами теоретического анализа на эту тему в очень солидном научном журнале. Но еще до этого нашли в себе смелость опубликовать первые результаты в новосибирском журнале «Наука из первых рук». Еще одну статью по вирусу гепатита С мы опубликовали в популярном журнале «Scientific America». Словом, на прошедшей конференции, организованной Институтом цитологии и генетики СО РАН, прошедшей с участием ученых Германии, США, Италии и других стран, новосибирские биологи, прежде всего генетики, выглядели не только представительно, но и достойно, солидно. И показали, что они работают на переднем крае науки.

Ролан НОТМАН. Фото автора