

ГОРИЗОНТЫ БИОИНФОРМАТИКИ

22-28 июня Институт цитологии и генетики проводил международную конференцию по биоинформатике регуляции и структуры генома (BGRS'2008).

Л. Юдина, «НВС»

Этот форум — заметное событие в международной и российской биоинформатике. По широте обсуждаемых проблем конференция, пожалуй, единственное мероприятие на территории России. Крупнейшая из проводимых в стране, она собирает до четырехсот участников со всей России и более чем из двадцати зарубежных исследовательских центров.

Интерес к биоинформатике, которой, по сути, нет еще и 20 лет, огромен, разработки ученых выходят на решение многих сложнейших человеческих проблем, перспективы открываются вдохновляющие.

Открытие конференции — всегда волнующее событие, своеобразный настрой на рабочую волну. Академик Н. А. Колчанов, директор Института цитологии и генетики СО РАН, организатор и бессменный председатель международного программного комитета конференций BGRS, академик В. В. Власов, директор Института химической биологии и фундаментальной медицины, председатель ОУС СО РАН, профессор Ральф Хофстадт из Германии, традиционный сопредседатель конференции, сердечно приветствовали многочисленных участников, обозначили стратегию и тематику предстоящих выступлений и дискуссий.



Специалисты собрались, чтобы познакомиться с наиболее интересными достижениями в области компьютерной биологии, обсудить перспективы развития новых методов компьютерного и теоретического анализа молекулярно-генетических систем и процессов, а также обменяться опытом их приложения к решению фундаментальных и прикладных задач

геномики, эволюционной и системной биологии, биомедицины, биотехнологии и других областей науки, связанных с исследованиями закономерностей структурно-функциональной организации и эволюции молекулярно-генетических систем человека, животных, растений и микроорганизмов.

Биоинформатика как научная дисциплина развивается бурно и стремительно. Первую свою конференцию из серии BGRS Институт цитологии и генетики провел в 1998 году. Стало очевидным, что в стране сформировалось достаточно представительное «ядро» специалистов в области математической биологии, которым есть что вынести на суд коллег, обсудить, чтобы действовать в дальнейшем с большей отдачей.

Решение центральных задач биоинформатики — это программа на многие и многие годы. К ним прежде всего относится изучение закономерностей организации, функционирования и эволюции геномов; исследование механизмов хранения, передачи и реализации генетической информации на разных уровнях организации живого — геномном, клеточном, межклеточном, организменном, популяционном; реконструкция и моделирование сложных молекулярно-генетических систем и процессов, контролируемых жизненно важные функции человека, животных, растений, микроорганизмов; компьютерный анализ и моделирование закономерностей организации и эволюции биологических макромолекул (ДНК, РНК и белков).

Впечатляющие успехи молекулярной и системной биологии связаны с полной расшифровкой геномов большого количества организмов из различных таксономических групп, экспериментальной характеристикой протеомов (совокупностей белков) — своеобразных «белковых портретов» живых организмов; применением технологии биочипов, позволяющей получать информацию об экспрессии огромного количества генов; изучением генных сетей — комплексов координированно работающих и взаимодействующих генов, определяющих формирование фенотипических признаков организмов; выявлением и моделированием метаболических путей и регуляторных взаимодействий в клетках, тканях, органах и организмах. В результате этих крупномасштабных исследований порождаются колоссальные массивы экспериментальных данных, требующие адекватных информационно-компьютерных технологий для их хранения, аннотирования, систематизации и анализа. Разработка таких технологий также входит в число центральных задач биоинформатики.

Информационный взрыв в молекулярной биологии и генетике, который случился в основном в последнее десятилетие, в значительной мере объясняется появлением качественно новых экспериментальных технологий, используемых в геномике, транскриптомике, протеомике, метаболомике, клеточной биологии.

На конференции работали восемь секций: компьютерная геномика и компьютерная транскриптомика, компьютерная системная биология, компьютерная протеомика, компьютерная эволюционная биология, компьютерная популяционная биология, компьютерный анализ данных и распознавание образов, биоинформатика и новая фармакология, высокопроизводительные вычисления в биоинформатике, нанобиоинженерия.

Богатый информационный материал, представленный в пленарных докладах и выступлениях на разнообразных научных мероприятиях конференции, давал пищу для размышлений. Перечень вопросов, находящихся в поле зрения аудитории — структурные и функциональные характеристики ДНК, РНК и белков; регуляция процессов транскрипции, сплайсинга и трансляции; моделирование и предсказание структуры и функции белков; молекулярная динамика ДНК, РНК и белков; эволюция геномов, белков, генных сетей; моделирование и анализ генных сетей и метаболических путей; создание баз данных и программного обеспечения для работы с ними в геномике, транскриптомике, протеомике, системной биологии.

Направление работ в современной биологии, называемой зачастую главной наукой нашего времени, меняется стремительно. Появляются новые методы, задачи, проблемы. На очередной конференции обязательно рассматриваются наиболее «горячие» точки.

И в этом году тематика BGRS?2008 расширилась за счет новых направлений. В частности, на секции нанобиоинженерии представлены работы, выполненные на стыке современных подходов физики, химии и биологии.

В рамках конференции прошли три специализированных симпозиума.

«Генетические модели в постгеномной биологии». Модельные животные — мощный инструмент исследования, давно используемый в биологии. Они служат для самых разных целей, от разработки и клинических испытаний препаратов до создания различных генных конструкций, помогающих понять молекулярно-генетические механизмы функционирования живых систем. На симпозиуме обсудили проблемы создания, разведения, хранения и обмена генетически модифицированными лабораторными животными; перспективы и возможности их использования в мультидисциплинарных биомедицинских, биотехнологических и фармакологических исследованиях. Развернутая экспозиция строящегося Центра генетических моделей млекопитающих ИЦиГ СО РАН, позволяющего на уровне мировых стандартов содержать и разводить тысячи разных генетических линий мышей и крыс, привлекла особое внимание. Обсуждены возможности кооперации ЦКП с Федерацией международных ресурсов генетических моделей (FIMRe), которая на симпозиуме была представлена сотрудниками одного из крупнейших архивов генетических линий мышей (BRC RIKEN, Цукуба, Япония). Часть докладов симпозиума посвящалась электронной презентации оборудования, закупаемого для Центра коллективного пользования, в том числе функционального магнито-резонансного томографа (fMRI) для мелких животных, а также блока приборов для физиологического и поведенческого фенотипирования. Завершился симпозиум дискуссией по всему спектру вопросов, связанных с обеспечением адекватными биомоделями и адекватными условиями мультидисциплинарных биомедицинских, биотехнологических и фармакологических исследований.

«Компьютерный анализ и распознавание образов в системной биологии». Симпозиум проводился на базе крупнейшего в России Центра коллективного пользования микроскопического анализа биологических объектов СО РАН и посвящался обсуждению новейших подходов к регистрации, обработке и анализу данных микроскопических исследований. Заслушаны доклады, посвященные не только различным аспектам микроскопического анализа биологических объектов и перспектив развития этой области исследований, но также рассмотрению новых гипотез организации хромосом эукариот, возникших в результате применения новейших технологий обработки микроскопических данных.

«Генетические коллекции и биоразнообразие возделываемых растений: получение, изучение, сохранение и криоконсервация». Главный акцент — на методике и практике хранения генетических коллекций из уникального сибирского генофонда возделываемых растений. Необходимо выработать стратегию их долгосрочного хранения в вечной мерзлоте Сибири и Якутии, обеспечивающую жизнеспособность и сохранность коллекции для будущих поколений. Секция организована в связи с проектом создания специально оборудованных хранилищ с помещениями для криоконсервации и длительного хранения генофондов растений на базе подземных шахт НИУ СО РАН в Ямбурге (Тюмень) и Якутске (Республика Саха Якутия). Такие хранилища — один из наиболее перспективных способов решения проблемы сохранности генофондов растений. В странах единой Европы уже имеется хранилище в вечной мерзлоте на Шпицбергене, закрытое для легитимного доступа российских исследователей. В то же время, ИЦиГ СО РАН и СибНИИРС СО РАСХН на сегодняшний день имеют крупнейшие генбанки, уступающие только коллекциям университета г. Киото

(Япония) и ряду китайских генбанков. Поэтому на повестке дня стоит реорганизация инфраструктуры хранения генофонда возделываемых растений в РФ и реализация на базе институтов СО РАН и СО РАСХН проекта по созданию национальной программы эффективного долгосрочного хранения в вечной мерзлоте.

По традиции под эгидой конференции прошла международная школа-семинар для молодых ученых «Эволюционная биология и высокопроизводительные вычисления в биоинформатике». Ведущие российские и зарубежные специалисты выступили с интересными лекциями по актуальным проблемам применения суперкомпьютерных вычислений в области решения задач эволюционной биологии, в частности, построения филогении и анализа моделей эволюции нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. В рамках Школы работали следующие секции: суперкомпьютеры и параллельные вычисления; параллельные вычисления в биоинформатике; параллельные вычисления и алгоритмы построения филогенетических деревьев; теоретические модели эволюции генетических макромолекул; компьютерная системная биология; применение теоретических моделей к анализу эволюции генетических макромолекул.

Десять дней все внимание специалистов было приковано к биоинформатике во всех ее аспектах. Как правило, число слушателей в аудиториях увеличивалось, если с сообщением выступал специалист, особо почитаемый. А таких на представительном мероприятии BGRS'2008 было предостаточно. Помимо своих, местных крупных специалистов, на конференции присутствовали гости из разных мест: проф. Ральф Хофестаdt, Германия; проф. Лев Животовский, Россия, проф. Лучано Миланези, Италия; д-р Федор Кондрашов, США; д-р Владимир Кузнецов, Сингапур; проф. Владимир Поройков, Россия; д-р Игорь Рогозин, США; д-р Мин Чен, КНР; д-р Фазиль Фамили, Канада; д-р Алексей Иванов, Россия; д-р Манфред Кайзер Нидерланды; д-р Сергей Лукашук, Великобритания и многие другие.

Новая встреча — в 2010 году. Нет сомнения в том, что за два года будет накоплен новый интересный блок материалов для обсуждения и дискуссий. «В настоящее время биоинформатика становится неотъемлемым атрибутом исследований в различных науках о жизни, позволяя ученым-биологам идти все дальше и дальше, в неведомые миры, поднимая на поверхность пласты скрытой информации. Биоинформатика приобретает сейчас особую ценность именно потому, что становится эффективным инструментом анализа огромных потоков экспериментальных данных, получаемых исследователями, и синтеза получаемых в результате этого знаний», — подчеркнул как-то в одном из интервью академик Н. А. Колчанов.

Разъезжались участники Международной конференции по биоинформатике регуляции и структуры генома с надеждой вновь побывать здесь через два года. Сибирь притягивает гостеприимством, доброжелательностью и искренностью людей. И профессионализмом Оргкомитета, в адрес которого идут и еще долго будут приходить благодарственные письма.