

## Все оттенки геномного

**19 июля 2022**

В новосибирском Академгородке прошла III Всероссийская конференция «Высокопроизводительное секвенирование в геномике». Конференцию традиционно организует Центр коллективного пользования «Геномика» СО РАН — структурное подразделение Института химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН. Мероприятие планировалось еще в 2020 году, но несколько раз переносилось.

**На конференцию приехали около 150 участников из 15 городов России, от Санкт-Петербурга до Владивостока, но самые представительные делегации, конечно, были из Москвы и Новосибирска. Принципиальным решением по формату мероприятия стал отказ от онлайн-докладов, ведь основная цель конференций состоит именно в возможности представить свою работу, выслушать объективную критику и обменяться идеями, глядя при этом собеседнику в глаза.**

Конференцию открыл директор ИХБФМ СО РАН член-корреспондент РАН Дмитрий Владимирович Пышный, отметивший, что сейчас генетические технологии в тренде и активно развиваются, а методы геномного секвенирования становятся незаменимым инструментарием для молекулярных биологов, клеточных технологов, также применяются в медицине.

С первым докладом, приуроченным к 20-летию ЦКП «Геномика», выступил его руководитель кандидат биологических наук Марсель Расимович Кабилов. Так совпало, что как раз в этом году ЦКП «Геномика» отмечает свой юбилей: 1 июля 2002 года вышло постановление Президиума СО РАН о создании ЦКП секвенирования ДНК СО РАН. А десять лет назад центр поменял свое название на ЦКП «Геномика».



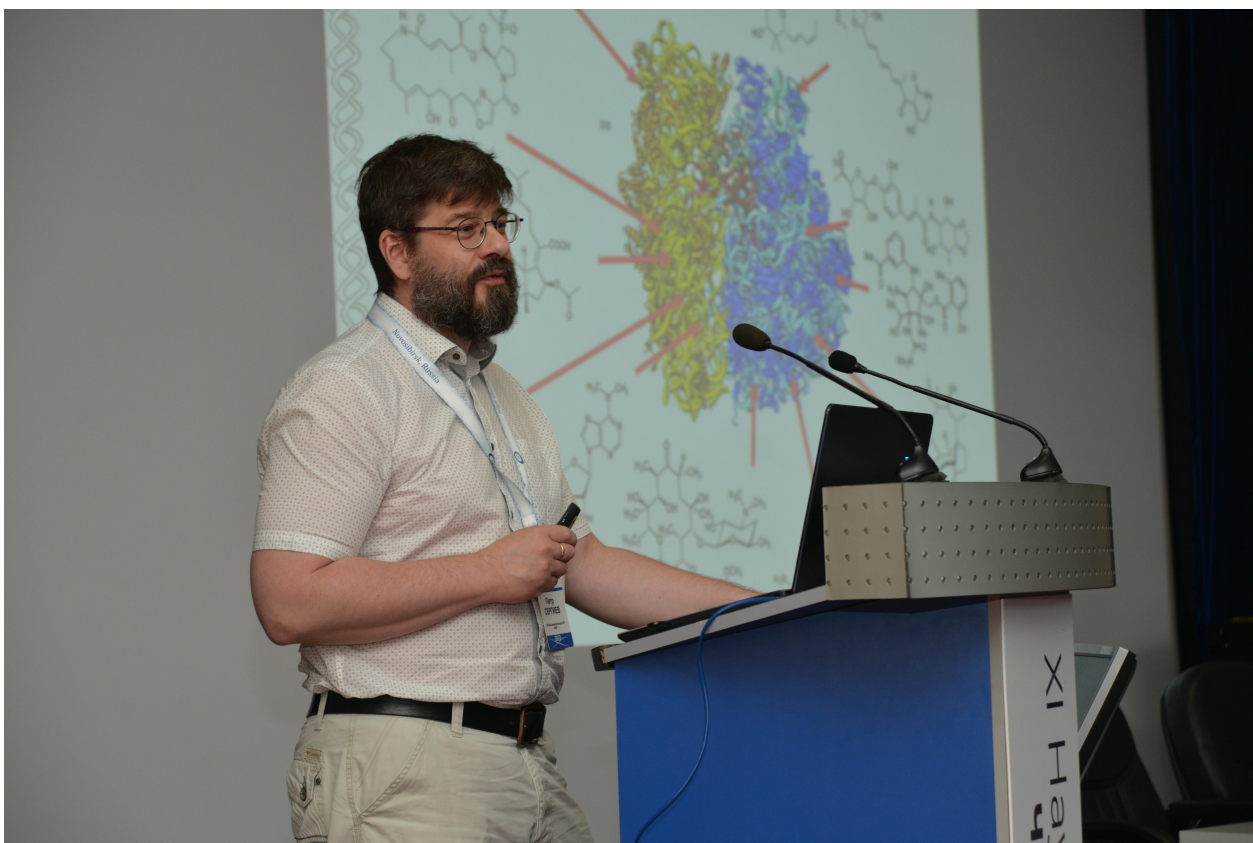
В настоящее время высокопроизводительное секвенирование (NGS) используется не только в геномике, но постепенно входит в практику исследований по молекулярной биологии, цитогенетике, зоологии, ботанике и другим разделам биологии. Возможность получения интересных результатов, как правило, связана либо с тем, что у вас появляется какой-либо новый объект исследований (например, грунт с поверхности Марса или осадочные породы со дна Мариинской впадины), либо удалось создать новый метод, позволяющий узнать неизвестную ранее информацию о вашем прежнем объекте. Пленарный доклад члена-корреспондента РАН Петра Владимировича Сергиева (НИИ физико-химической биологии Московского государственного университета им. М. В. Ломоносова), открывший научную часть конференции, удачно совместил оба аспекта и был посвящен разработке и использованию нового метода исследования сиквенс-специфичности действия новых и уже известных антибиотиков на трансляцию бактерий. Докладчик так прокомментировал свое участие: «Конференция по технологиям секвенирования следующего поколения в Новосибирске — одно из знаковых мероприятий с интересной научной программой и возможностью пообщаться с коллегами. Наша лаборатория представила новый метод изучения механизмов биосинтеза белка и его ингибирования антибиотиками, который был разработан с нашими новосибирскими коллегами, в том числе с главой ЦКП «Геномика» Марселем Кабиловым».

Традиционной для конференции стала работа семи секций, логично поделивших между собой царства живых организмов: растения, животные, прокариоты с вирусами, а также секции по метагеномике, изучающей все геномы в совокупности, по внутриклеточным процессам (белок-НК, НК-НК взаимодействия и трансляция) и отдельная секция по методам.

Кандидат биологических наук Нариман Рашитович Баттулин (ФИЦ «Институт цитологии и генетики СО РАН»), курировавший секцию по методам NGS и анализу данных, представил доклад по механизмам интеграции трансгенов. Также на секции рассказывалось об использовании технологии Nanopore для анализа герминальных мутаций (кандидат биологических наук Андрей Андреевич Кечин, ИХБФМ СО РАН), применении сборок геномов для нужд цитогенетики (Михаил Викторович Фофанов, Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН) и о многом другом. Модератором секции «Белок-НК, НК-НК взаимодействия и трансляция» выступил профессор РАН, доктор биологических наук Алексей Анатольевич Белогуров (Институт биоорганической химии им. академиков М. М. Шемякина и Ю. А.

Овчинникова РАН), выступивший с докладом по изучению механизмов убиквитин-зависимой деградации белков. Сообщение кандидата биологических наук Сергея Евгеньевича Дмитриева (НИИ физико-химической биологии МГУ) было посвящено кодированию белков повторами в геноме человека. Анализ влияния мутаций в рибосомальных белках на транскриптом и транслятом был представлен доктором химических наук Алексеем Аркадьевичем Малыгиным (ИХБФМ СО РАН).

Не самую многочисленную, но от этого не менее значимую секцию по геномике растений вела кандидат биологических наук Мария Дмитриевна Логачёва (Сколтех). Представленные доклады касались таких растений, как лен (Любовь Витальевна Повхова и Екатерина Евгеньевна Дворянинова, Институт молекулярной биологии им. В. А. Энгельгардта РАН), пастушья сумка (кандидат биологических наук Алексей Александрович Пенин, Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН), картофель (кандидат биологических наук Дмитрий Аркадьевич Афонников, ФИЦ ИЦиГ СО РАН) и не в меру актуальный борщевик Сосновского (М. Д. Логачёва). В секции по геномике животных, курируемой профессором РАН, доктором биологических наук Владимиром Александровичем Трифоновым (ИМКБ СО РАН), были представлены работы по изучению геномов нильского крокодила (доктор биологических наук Светлана Анатольевна Романенко, ИМКБ СО РАН), иглистой мыши (кандидат биологических наук Ольга Сергеевна Козлова, Казанский федеральный университет), позвоночных и птиц в частности (Ася Генриковна Давидьян, кандидат биологических наук Александр Геннадьевич Дёмин, Санкт-Петербургский государственный университет).



Ближние по сути секции по метагеномике и геномике прокариот и вирусов модерировал Марсель Кабилов. Ученые говорили об изучении отдельных микроорганизмов, а также их сообществ. Условно работы можно было поделить на два направления. Первое — экологическое, связанное с изучением природных сообществ, например сульфатредуцирующих бактерий в Баренцевом море (кандидат биологических наук Андрей Леонидович Брюханов, МГУ) или пионерская для России работа по изучению микробиома атмосферы (кандидат биологических наук Наталья Борисовна Наумова, ИХБФМ СО РАН). Второе направление в большей степени связано с практическими задачами, например изучение антибиотикоустойчивости штаммов гонореи (Илья Денисович Кандинов, ИМБ РАН)

или использование метагеномного анализа для решения задач по изучению патогенеза насекомых и защите сельскохозяйственных растений. Последнее было представлено в работах Института систематики и экологии животных СО РАН по изучению влияния инсектицидов и патогенных микроорганизмов на микробиом колорадского жука (кандидат биологических наук Ольга Викторовна Поленогова) и по оценке влияния бактериального сообщества различных почв на уровень фунгистазиса и заболеваемость насекомых грибными патогенами (доктор биологических наук Вадим Юрьевич Крюков). Директор ИСиЭЖ СО РАН член-корреспондент РАН Виктор Вячеславович Глупов отметил, что изучение микробиомов насекомых с помощью высокопроизводительного секвенирования, в частности взаимодействий между комменсальными (извлекающими пользу из сожительства с другими организмами, не причиняя им вреда. — Прим. ред.) и патогенными микроорганизмами, проясняет ряд сложных вопросов, связанных с формированием иммунитета и восприимчивости насекомых к патогенам и инсектицидам. Кроме того, исследования микробиомов разных типов почв может дать ключи к пониманию механизмов эпизоотий в популяциях вредителей сельского хозяйства, а также взаимодействий между растениями и ассоциированными с ними бактериями.

Одной из самых больших секций конференции была «Медицинская геномика», модератором которой выступил кандидат биологических наук Евгений Владимирович Денисов (НИИ онкологии Томского научно-исследовательского медицинского центра РАН). Доклады секции включали в себя исследования таких патологий, как рассеянный склероз (Максим Сергеевич Козин, Национальный медицинский исследовательский центр кардиологии им. ак. Е. И. Чазова), рак полости рта (кандидат медицинских наук Елена Сергеевна Колегова, НИИ онкологии ТНИМЦ РАН), гипертрофическая кардиомиопатия (Иван Сергеевич Киселев, Российский национальный исследовательский медицинский университет им. Н. И. Пирогова). Также были представлены работы по транскриптомному анализу эндотелиальных клеток артерий человека (кандидат медицинских наук Антон Геннадьевич Кутихин, НИИ комплексных проблем сердечно-сосудистых заболеваний) и действию противоопухолевых препаратов (кандидат химических наук Александра Леонидовна Захаренко, ИХБФМ СО РАН).

Председатель конференции академик Валентин Викторович Власов отметил высокий уровень организации конференции, участие в ней ведущих специалистов страны и актуальность исследований в области геномики. Чрезвычайно важно, что на конференции, проведенной в очном формате, ученые смогли продуктивно общаться и обмениваться идеями. Конференция стала традиционной и, несомненно, следующая, IV конференция, запланированная на 2025 год, будет еще более представительной и интересной.

Генеральным спонсором традиционно выступила фирма «Диаэм». Также спонсорами конференции стали компании «БиоХимМак», «Скайджин», «Альгимед», «Хеликон», «Биолайн» и «Сесана».

## **ИХБФМ СО РАН**

*Фото предоставлены Марселем Кабиловым*