



<http://conf.bionet.nsc.ru/sbb2017>

25-30 июня 2017 г. Республика Крым, г. Ялта, Россия

**РАСПИСАНИЕ ПРАКТИЧЕСКИХ ЗАНЯТИЙ
и их описание (на 3-ем листе)**

НИКИТСКИЙ БОТАНИЧЕСКИЙ САД			МАГАРАЧ			
Время	Место проведения	Название практического занятия	Время	Место проведения	Название практического занятия	
09:00 – 13:30 Перерыв на кофе-брейк с 11:00-11:30	Конференц-зал	Тема 2: Поправки на множественные сравнения <i>Землянская Е.В., ИЦиГ, НГУ, Новосибирск</i>	09:00 – 13:30 Перерыв на кофе-брейк с 11:00-11:30	Конференц-зал	Тема 8: Генетические ресурсы винограда мировой ампелографической коллекции ВНИИВиВ «Магарач» <i>Полулях А.А., МАГАРАЧ, Ялта</i>	
	Учебный класс 1	Тема 4: Системная биология и компьютерное моделирование для персонализированной медицины <i>Колодкин А.Н., Люксембург. Кребс О. Германия</i>		Дегустационный зал		
	Учебный класс 2	Тема 5: Управление свойствами растительного сырья. Оценка изменчивости свойств крахмала в коллекции картофеля при помощи анализа изображений <i>Хлесткин В.К. ИЦиГ, Новосибирск</i>		Библиотека		Тема 10: Молекулярное генотипирование винограда и идентификация латентной стадии вирусных и бактериальных болезней культуры ПЦР-методом <i>Рисованная В.И., Гориславец С.М., Волков Я.А. МАГАРАЧ, Ялта</i>
	На плодовом участке	Тема 6: Селекция косточковых плодовых культур в Никитском ботаническом саду <i>Шоферистов Е.П., НБС-ННЦ, Ялта</i>				
13:30-14:30 Перерыв на обед						
14:30 – 19:00 Перерыв на кофе-брейк с 16:30-17:00	На плодовом участке	Тема 7: Селекция эфиромасличных культур <i>Работягов В.Д. НБС-ННЦ, Ялта</i>	14:30 – 19:00 Перерыв на кофе-брейк с 16:30-17:00	Библиотека	Тема 9: Биотехнология винограда: применение культуры тканей in vitro – при разработке экспресс методов диагностики генотипической специфичности, в селекции и питомниководстве <i>Зленко В.А., Павлова И.А., МАГАРАЧ, Ялта</i>	
	Учебный класс 1	Тема 3: Составление стехиометрических моделей метаболических сетей <i>Захарцев М., Норвегия. Кребс О. Германия</i>		Конференц-зал		Тема 12: Реализация закономерностей частной генетики винограда в селекционных программах <i>...МАГАРАЧ, Ялта</i>
	Учебный класс 2	Тема 11: Применение ANDSystem для реконструкции и анализа молекулярно-генетических сетей, связанных с заболеваниями и фенотипическими признаками <i>Сайк О.В. ИЦиГ, Новосибирск</i>		Дегустационный зал		
	Конференц-зал	Тема 1: Введение в молекулярную эволюцию <i>Афонников Д.А., ИЦиГ, Новосибирск</i>				

Тема 1: Введение в молекулярную эволюцию

Афонников Дмитрий Аркадьевич, к.б.н., зав. лабораторией эволюционной биоинформатики и теоретической генетики ИЦиГ СО РАН, НГУ, Новосибирск, РФ

Тема 2: Поправки на множественные сравнения

Землянская Елена Васильевна, к.б.н., ИЦиГ СО РАН, НГУ, Новосибирск, РФ

Тема 3: Составление стехиометрических моделей метаболических сетей

Захарцев Максим, проф. Центр Интегративной Генетики, Норвежский Университет Наук о Жизни, Осло, Норвегия

Ольга Кребс, Институт теоретических исследований г. Хайдельберга, Германия

Тема 4: Системная биология и компьютерное моделирование для персонализированной медицины

Колодкин Алексей Николаевич, проф., Свободный Университет Амстердама, Университет Амстердама, Амстердам, Нидерланды; Люксембургский Центр Системной Биомедицины, Университет Люксембурга, Люксембург; ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, РФ

Ольга Кребс, Институт теоретических исследований г. Хайдельберга, Германия

Тема 5: Управление свойствами растительного сырья. Оценка изменчивости свойств крахмала в коллекции картофеля при помощи анализа изображений

Хлесткин Вадим Камильевич, к. х.н., с.н.с. лаборатории молекулярных биотехнологий ИЦиГ СО РАН, НГУ, Новосибирск, РФ

Тема 6: Селекция косточковых плодовых культур в Никитском ботаническом саду

Шоферистов Евгений Петрович, д.б.н., г.н.с. лаборатории южных плодовых культур ФГБУН «НБС-ННЦ», Ялта, Крым, РФ

Тема 7: Селекция эфиромасличных культур

Работягов Валерий Дмитриевич, д.б.н., г.н.с. лаборатории ароматических и лекарственных растений, ФГБУН «НБС-ННЦ», Ялта, Крым, РФ

Тема 8: Генетические ресурсы винограда мировой ампелографической коллекции ВНИИВиВ «Магарач»

Полулях Алла Анатольевна, в.н.с. отдела селекции, генетики винограда и ампелографии, к.с.-х.н., ст.н.с., ВНИИВиВ «Магарач», Ялта, Крым, РФ.

Тема 9: Биотехнология винограда: применение культуры тканей in vitro – при разработке

экспресс методов диагностики генотипической специфичности, в селекции и питомниководстве

Зленко Валерий Анатольевич, к.с.-х.н., доцент, с.н.с. отдела селекции, генетики винограда и ампелографии. Павлова Ирина Александровна, в.н.с. отдела питомниководства и микроклонального размножения, к.б.н., с.н.с., ВНИИВиВ «Магарач», Ялта, Крым, РФ

Тема 10: Молекулярное генотипирование винограда и идентификация латентной стадии вирусных и бактериальных болезней культуры ПЦР-методом

Рисованная Валентина Ивановна, в.н.с. сек. молекулярно-генетических исследований, к.б.н., с.н.с., ВНИИВиВ «Магарач», Ялта, Крым, РФ

Гориславец Светлана Михайловна, зав.сектором молекулярно-генетических исследований, к.б.н. ВНИИВиВ «Магарач», Ялта, Крым, РФ

Волков Яков Александрович, н.с. отдела биологически чистой продукции и молекулярно-генетических исследований, к.с.-х. н. ВНИИВиВ «Магарач», Ялта, Крым, РФ

Тема 11: Применение ANDSystem для реконструкции и анализа молекулярно-генетических сетей, связанных с заболеваниями и фенотипическими признаками

Сайк Ольга Владимировна, и.о. зав. сектором, ИЦиГ СО РАН, НГУ, Новосибирск, РФ.

Тема 12: Реализация закономерностей частной генетики винограда в селекционных программах (лектор на утверждении).

ОПИСАНИЯ ПРАКТИЧЕСКИХ ЗАНЯТИЙ

Девятой Международной Школы молодых ученых «Системная биология и Биоинформатика»

(«System biology and Bioinformatics, SBB'2017), 25-30 июня 2017 года, Ялта, Крым

Темы практических занятий / лектор	Описание практики	Требования к персональному компьютеру слушателей
АФОННИКОВ ДМИТРИЙ АРКАДЬЕВИЧ к.б.н., ИЦиГ СО РАН, НГУ, Новосибирск, Россия Введение в молекулярную эволюцию	Курс рассчитан для начинающих биоинформатиков и биологов, для которых необходимо решать базовые задачи по реконструкции филогении. Практическое занятие будет посвящено методам решения основных задач филогении: поиск гомологов в базах данных аминокислотных последовательностей, выравнивание последовательностей, реконструкция филогении и ее анализ. Работа с данными будет продемонстрирована на примере пакета SAMMEM (http://pixie.bionet.nsc.ru/samem/) и плагина Orthoscape (http://apps.cytoscape.org/apps/orthoscape) для пакета Cytoscape	Необходимо наличие ноутбука/персонального компьютера с выходом в Интернет, установленным Интернет-браузером и JAVA. Желательно установка пакета Cytoscape 3.5.1 (http://cytoscape.org). Необходимые программы будут установлены в начале занятия.
ЗЕМЛЯНСКАЯ ЕЛЕНА ВАСИЛЬЕВНА К.б.н., ИЦиГ СО РАН, НГУ, Новосибирск, Россия Поправки на множественные сравнения	Практикум рассчитан на биоинформатиков и биологов, которые предполагают работать с анализом данных, полученных с помощью высокопроизводительных технологий. Проблема множественных сравнений возникает, когда на одном наборе данных одновременно выполняется проверка большого числа статистических гипотез: в этом случае вероятность ложноположительного заключения (как минимум в одном случае) существенно увеличивается по сравнению с таковой при проверке каждой отдельной гипотезы. В биоинформатике мы часто сталкиваемся с этой ситуацией при анализе данных высокопроизводительного секвенирования или микрочиповых экспериментов, например, при анализе дифференциально экспрессирующихся генов. Для устранения эффекта множественных сравнений разработан целый ряд процедур, позволяющих контролировать вероятность возникновения ложноположительных предсказаний. В рамках практикума студенты познакомятся с некоторыми из этих подходов и научатся самостоятельно реализовывать процедуры поправок на множественные сравнения.	Необходимо наличие ноутбука с программой Microsoft Ecell. Для слушателей, имеющих опыт программирования, желательно иметь личный ноутбук с языком программирования, которым владеет слушатель.
ХЛЕСТКИН ВАДИМ КАМИЛЬЕВИЧ к. х.н., с.н.с. лаборатории молекулярных биотехнологий ИЦиГ СО РАН, НГУ, Новосибирск, РФ Управление свойствами растительного сырья. Оценка изменчивости свойств крахмала в коллекции картофеля при помощи анализа изображений	Растительное сырье – бесценный источник функционально насыщенных, сложных органических веществ, которые сложно или невозможно получить синтетическим способом. Зачастую эти вещества скрывают в своей структуре потенциальную биологическую активность или заготовки для новых материалов. Возможность управления биосинтезом полезных соединений в растениях через генные сети требует методов и подходов к быстрой оценки химических признаков для большого количества образцов. Практическое занятие включает в себя ознакомление со строением и свойствами крахмала – важного источника углеводов для пищевых и технических целей, и изучения распределения по размерам и округлости крахмальных гранул разных сортов и гибридов картофеля с использованием микрофотографий и программы ImageJ.	Ноутбук или десктоп, можно – с установленной программой ImageJ. Можно будет установить ImageJ прямо в ходе занятия.

<p>ЗАХАРЦЕВ МАКСИМ <i>Центр Интегративной Генетики</i> <i>Норвежский Университет Наук о Жизни,</i> <i>Оз, Норвегия</i></p> <p>ОЛЬГА КРЕБС <i>Институт теоретических исследований г.</i> <i>Хайдельберга, Германия</i></p> <p>Составление стехиометрических моделей метаболических сетей</p>	<p>Цель: научиться составлять стехиометрические (стационарные потоковые) модели биологических объектов. Мы будем проводить анализ метаболической активности объекта, его ростовой стехиометрии, основываясь на неструктурированной модели (элементарный баланс, баланс степени восстановленности, вычисление степени свободы, определение наблюдаемости модели и тд). Структурированная модель строится на основании известной информации о метаболизме биологического объекта и стехиометрии отдельных метаболических реакций (<i>i.e.</i> стехиометрия и необратимость) доступных из открытых баз данных (<i>e.g.</i> BioСус, KEGG, <i>etc</i>) и литературы. Качество метаболической модели опреляется путём баланса элементов и зарядов, топологического анализа (степень свободы, замкнутые циклы, параллельные пути, анализ nullspace and elementary modes, идентификация и элиминирование subsets, <i>etc</i>) с целью оптимизации метаболической сети и подготовки модели для Flux Balance Analysis (FBA) и далее для Metabolic Flux Analysis (MFA). В ходе анализа мы проведём оценку оборота естественных conserved moiety (NAD⁺/NADH, ATP/ADP). Моделирование будет проводиться в специализированном пакете InSilico Discovery.</p> <p>Кроме того, студентами будут изучены возможности загрузки моделей в стандартном формате (SBML) в базу данных (FAIRDOMHub) и аннотирование загруженной информации (модель+протоколы+эксп.данные+support information).</p> <p>Результатом упражнения будет короткая презентация (до 10 слайдов) рассказывающая об объекте исследования, целях и задачах моделирования и представляющая основные результаты моделирования.</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1. Персональный Windows-based компьютер 2. Интернет 3. Регистрация на FAIRDOM https://sandbox3.fairdomhub.org Интернет ссылка начнет работать за неделю до курса (Ольга Кребс будет ассистировать эту часть) <p>Установка программ и регистрация на FAIRDOM может быть проведена также во время самого занятия и займет не более 15 мин.</p> <p>Слушатели будут обеспечены необходимыми программными продуктами</p>
<p>КОЛОДКИН АЛЕКСЕЙ <i>проф., Свободный Университет</i> <i>Амстердама, Университет Амстердама,</i> <i>Амстердам, Нидерланды; Люксембургский</i> <i>Центр</i></p> <p><i>Системной Биомедицины, Университет</i> <i>Люксембурга, Люксембург; ФИЦ ИЦиГ СО</i> <i>РАН, Новосибирск, РФ</i></p> <p>ОЛЬГА КРЕБС <i>Институт теоретических исследований г.</i> <i>Хайдельберга, Германия</i></p> <p>Системная биология и компьютерное моделирование для персонализированной медицины</p>	<p>Курс рассчитан как на абсолютных новичков, желающих понять принципы компьютерного моделирования биологических систем с помощью Обыкновенных Дифференциальных Уравнений, так и на опытных моделистов, для которых будут предложены уникальные упражнения для самостоятельного использования уже приготовленных моделей, используемых в настоящее время для разработки подходов в персонализированной медицине, в частности компьютерная модель разработанная в сотрудничестве между университетами Люксембурга и Амстердама, описывающая механизм оксидативного стресса при развитии болезни Паркинсона.</p>	<p>Желателен персональный компьютер /ноутбук:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) с выходом в интернет 2) с бесплатными приложениями: COPASI (www.copasi.org) CellDesigner (www.celldesigner.org) 3) Регистрация на FAIRDOM https://sandbox3.fairdomhub.org <p>Интернет ссылка начнет работать за неделю до курса (Ольга Кребс будет ассистировать эту часть)</p> <p>Установка программ и регистрация на FAIRDOM может быть проведена также во время самого занятия и займет не более 15 мин.</p>

<p>САЙК ОЛЬГА ВЛАДИМИРОВНА И.о. зав. сектором ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия</p> <p>Применение ANDSystem для реконструкции и анализа молекулярно-генетических сетей, связанных с заболеваниями и фенотипическими признаками</p>	<p>В рамках практического занятия будет проведено:</p> <ol style="list-style-type: none"> (1) ознакомление с методами автоматического анализа текстов (text-mining); (2) анализ сверхпредставленных Gene Ontology биологических процессов ресурсом DAVID; (3) знакомство с системой ANDSystem, позволяющей проводить реконструкцию и анализ молекулярно-генетических сетей, связанных с заболеваниями и фенотипическими признаками; (4) овладение методами реконструкции и анализа ассоциативных генных сетей с помощью системы ANDSystem; (5) ознакомление с методами оценки центральностей вершин в графах и кластеризации генных сетей. 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Компьютер / ноутбук 2. Язык программирования Python 2.7 (https://www.python.org/download/releases/2.7/) 3. Блокнот Notepad ++ для Windows (https://notepad-plus-plus.org/) или Gedit для Linux (http://gedit.en.softonic.com/) 4. Система Cytoscape (an open source software platform for visualizing complex networks - http://www.cytoscape.org/) 5. Система ANDSystem, установим на занятии с сайта http://www.bionet.sccc.ru/andvisio/
<p>ШОФЕРИСТОВ ЕВГЕНИЙ ПЕТРОВИЧ д.б.н., г.н.с. лаборатории южных плодовых культур ФГБУН «НБС-ННЦ», Ялта, Крым, Россия</p> <p>Селекция косточковых плодовых культур в Никитском ботаническом саду</p>	<p>На примере нектарина и персика обыкновенного будут решаться следующие задачи:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Методы и схема селекции. Морфология растений нектарина и персика. 2. Межсортовая гибридизация нектарина – <i>Persica vulgaris</i> subsp. <i>nectarina</i> (Ait.) Shof. Межсортовая гибридизация персика обыкновенного – <i>Persica vulgaris</i> Mill. 3. Межвидовая гибридизация нектарина и персика с дикими эндемичным для Китая видом персика – персиком тибетским – <i>Persica mira</i> (Koehne) Kovel. et. Kostina; Межвидовая гибридизация нектарина и персика с диким эндемичным для Китая видом персика горным – <i>Persica davidiana</i> Cart; 4. Межродовая гибридизация нектарина и персика с миндалем – <i>Amygdalus</i> L. (сбор пыльцы, техника кастрации и опыления). 	
<p>РАБОТЯГОВ ВАЛЕРИЙ ДМИТРИЕВИЧ д.б.н., г.н.с. лаборатории ароматических и лекарственных растений, ФГБУН «НБС-ННЦ», Ялта, Крым, Россия</p> <p>Селекция эфиромасличных культур</p>	<p>На примере лаванды будут решаться следующие задачи:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Методы и схемы селекции. Морфология и анатомия лаванды. Межсортовая гибридизация (техника кастрации цветка и техника опыления). 2. Создание полиплоидных форм. Методы получения полиплоидов. Скрещивание ди- и тетраплоидов. 3. Межвидовая гибридизация: <ol style="list-style-type: none"> а) Скрещивание на диплоидном уровне <i>Lavandula angustifolia</i> Mill. с <i>L. latifolia</i> Medic/ б) Преодоление стерильности и создание фертильных лавандинов. Создание тетраплоидных форм двух видов лаванды. в) Скрещивание синтетически созданных полиплоидов с диплоидными видами (сортами или клонами) и получение гибридов с разным числом геномов исходных видов и в различных сочетаниях. 	

<p>ПОЛУЛЯХ АЛЛА АНАТОЛЬЕВНА к.с.-х.н., ст.н.с.</p> <p>Генетические ресурсы винограда мировой ампелографической коллекции ВНИИВиВ «Магарач»</p>	<p>Всё о Ампелографической коллекции ВНИИВиВ «Магарач». Коллекция располагается в Бахчисарайском районе АР Крым в 150 км от Ялты.</p> <p>В рамках практического занятия будут рассматриваться следующие вопросы:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. История создания и особенности формирования ампелографической коллекции ВНИИВиВ «Магарач». 2. Генетическое разнообразие ампелографической коллекции, которая содержит 4120 образцов из различных центров происхождения винограда и различных регионов мира: Европы, Азии, Африки, Северной Америки. 3. Основные задачи и функции биоресурсной коллекции винограда. 	
<p>ЗЛЕНКО ВАЛЕРИЙ АНАТОЛЬЕВИЧ к.с.-х.н.</p> <p>ПАВЛОВА ИРИНА АЛЕКСАНДРОВНА к.б.н., с.н.с.</p> <p>Биотехнология винограда: применение культуры тканей <i>in vitro</i> – при разработке экспресс методов диагностики генотипической специфичности, в селекции и питомниководстве</p>	<p>Применение методов <i>in vitro</i> в селекции винограда: преодоление абортивности, повышение жизнеспособности генеративного потомства; суспензионная культура, индукция соматического эмбриогенеза для получения полиплоидных генотипов.</p> <p>Сохранения ценных генотипов винограда в условиях <i>in vitro</i>.</p> <p>Технология клонального микроразмножения винограда: основные этапы, оздоровление, технологические особенности культивирования растений <i>in vitro</i> и <i>in vivo</i>.</p>	
<p>РИСОВАННАЯ ВАЛЕНТИНА ИВАНОВНА к.б.н., доцент</p> <p>Гориславец Светлана Михайловна к.б.н.</p> <p>Волков Яков Александрович к.с.-х.н</p> <p>Молекулярное генотипирование винограда и идентификация латентной стадии вирусных и бактериальных болезней культуры ПЦР-методом</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1. Методы генотипирования и идентификации сортов винограда: <ol style="list-style-type: none"> а) фрагментный анализ для идентификации и дифференциации сортов и форм. б) реконструкция пар родитель-потомок. 2. Ознакомление с методами диагностики фитопатогенов винограда: <ol style="list-style-type: none"> а) визуальная диагностика вирусных и бактериальных инфекций винограда. б) тестирование латентной формы вирусных патогенов ПЦР методами. в) молекулярная диагностика бактериальных заболеваний винограда. 	
<p>Реализация закономерностей частной генетики винограда в селекционных программах</p>	<p>Практическое занятие с посещением селекционных участков в районе Никитского ботанического сада.</p>	<p>Лектор на утверждении.</p>