

2008.08

Информационный портал Российской Академии Сельскохозяйственных наук. Научно-теоретический журнал «Сельская биология».

Шестая международная конференция по биоинформатике регуляции и структуры генома (BGRS'2008)

(22-28 июня, г. Новосибирск, Институт цитологии и генетики СО РАН)

Работа конференции, ставшей традиционной, состояла из пленарных и программных докладов, круглых столов по следующим 15 темам: геномика; транскриптомика; протеомика; физические методы анализа молекулярных и супрамолекулярных структур и их систем; механотроника, биоинформатика и синтетическая биология; нанобиотехнологии; анализ данных и распознавание образов в биоинформатике; ДНК-типирование популяций и индивидов; высокопроизводительные вычисления в биоинформатике; системная биология *Mycobacterium tuberculosis*; компьютерный анализ и распознавание образов в системной биологии; компьютерная биология развития; образование в биоинформатике; эволюционная компьютерная биология; биоинформатика и новая фармакология. В работе конференции приняли участие около 300 представителей научных подразделений из России, ближнего и дальнего зарубежья.

Особый интерес вызвали результаты исследований по модификации последовательностей ДНК для их дальнейшей самосборки в трехмерные структуры (методы нанобиотехнологии). Кроме практической значимости для создания биоблоков, это направление вносит существенный вклад в изучение механизмов трехмерной организации геномных элементов. Сообщения по структурно-функциональной организации генома включали следующие направления: крупномасштабный анализ и сравнение геномов; функциональная аннотация геномов, выявление и предсказание структуры генов; базы знаний и онтология; мобильные генетические элементы и повторенные последовательности ДНК; нуклеосомная организация ДНК; регуляторные геномные последовательности (базы данных и базы знаний, компьютерный анализ, распознавание и моделирование); экспрессия генов (модели транскрипции, сплайсинга и контроля трансляции). Важными в этих сообщениях были представленные новые методы оценки профилей генной экспрессии на основании ДНК-биочипов, поиска ошибок и их источников в базах данных, а также способов их учета.

Вопросы структурной компьютерной биологии рассматривались в докладах по исследованиям структурно-функциональной организации РНК и белков (анализ и предсказание), моделированию и предсказанию структуры и функции белков, классификации структурных мотивов в белках и их фолдингу, изучению и выявлению функциональных сайтов и активных центров в трехмерной структуре (расознавание и моделирование функции), крупномасштабному анализу протеом и белок-белковых взаимодействий, молекулярной динамике ДНК, РНК и белков. Особое внимание уделялось результатам исследований в области компьютерной системной биологии (генные сети, пути передачи сигналов, метаболические пути, пути экспрессии гена — базы данных и базы знаний, компьютерный анализ, математическое моделирование и симуляция), реконструкции генных сетей на основе компьютерной обработки данных ДНК-микроматриц (ДНК-биочипов), описанию и моделированию внутриклеточной динамики регуляторных сигналов и путей, межклеточных взаимодействий, генным сетям и онтогенезу, системной биологии и биотехнологии, эпигенетике, интеграции генетических, функциональных и молекулярных данных в генные сети и метаболические пути, компьютерным моделям генетического контроля сложных фенотипических признаков.

Обсуждение сохранения биоразнообразия было тесно связано с исследованиями и методами изучения популяционной и эволюционной генетики (полиморфизм структурных генов, микросателлитов, фрагментов ДНК, фланкированных различными инвертированными повторами, SNP- и ДНК-биочипы, ядерные и митохондриальные гаплотипы и т.д.). Полученные данные обсуждались в связи с крупномасштабными перестройками геномов, геномного полиморфизма, молекулярной эволюции геномов, генов, регуляторных систем, метаболических путей. Рассматривалась сравнительная геномика регуляторных районов, кодирующих частей генов, эволюция структуры и функции белков, реконструкция филогенетических деревьев, естественный и искусственный горизонтальный перенос генетической информации.

Большое внимание было уделено компьютерным технологиям накопления, хранения и анализа данных в геномике, транскриптомике, протеомике, системной биологии, нейроинформатике, при создании новых фармакологических средств. В связи с последним рассматривался системный молекулярно-биологический и молекулярно-генетический прогноз эволюции патогенов и компьютерное моделирование фармакологических средств защиты. На конференции был представлен широкий спектр компьютерных программ для создания и/или облегчения работы с базами данных по различным биомолекулам и их взаимодействиям, хромосомам, внутри- и межклеточным регуляторным потокам, генным сетям, полиморфизму генов и геномов, оценке эволюционных связей между генными сетями и их элементами, а также моделирования сетевых биологических процессов.