

Международная встреча биологов: на стыке теории и эксперимента



С 25 по 29 июня в новосибирском Академгородке проходит международная научная конференция «Биоинформатика регуляции и структуры геномов и системной биологии» (Bioinformatics of Genome Regulation and Structure\Systems Biology — BGRS\SB-2012).

Конференция является составной частью большой мультиконференции «Новая биология», в которую также входит конференция «Постгеномные технологии для биомедицины», школа молодых ученых «Биоинформатика и системная биология», школа молодых ученых «Современные методы секвенирования нуклеиновых кислот».

«Такая структура обусловлена тем, – объясняет директор Института цитологии и генетики СО РАН академик Николай Александрович Колчанов, – что стремительное развитие экспериментальных методов привело к информационному взрыву в биологии, появились массовые методы параллельного секвенирования, технологии изучения протеома и многое другое. Ситуация для экспериментальных наук сегодня тупиковая: информация накапливается быстрее, чем мы можем ее проанализировать. В связи с этим совершенствование подходов привело к бурному развитию биоинформатики и ее союзу с экспериментальной биологией».

Научная программа включает в себя несколько секций: «Компьютерная геномика», «Биоинформатика и системная биология регуляции экспрессии генов», «Математическая биология и системное моделирование», «Суперкомпьютерные вычисления в биоинформатике», «Биоинформатика и системная биология регуляции экспрессии генов» и другие. Исследования, представленные в устных и стендовых докладах, предназначены для продвижения в будущем таких направлений, как создание новых лекарственных препаратов и проверка действия уже существующих, получение новых линий клеток бактерий, растений, животных и человека.

«Создание новых линий клеток активно развивается в виварии Института цитологии и генетики СО РАН. Этот процесс подразумевает искусственное вживление в культуру клеток различных векторных конструкций, несущих совершенно другие гены, которые для них не свойственны. На новой линии культуры клеток инородные элементы пытаются подавить или активировать экспрессию родных генов. Такая процедура необходима, чтобы проверить, какие именно процессы эти гены регулируют», – пояснил член организационного комитета, научный сотрудник Института цитологии и генетики СО РАН, кандидат биологических наук Илья Ринатович Акбердин.

Популярным в биологии и фармацевтике прикладным направлением является создание суперпродуцентов, то есть попытка получить такие бактериальные штаммы, которые производили бы полезные с точки зрения биотехнологий вещества (глюкозу, аминокислоты, углеводы, биологически активные вещества, лекарственные препараты и др.). Также с помощью суперпродуцентов можно проверить устойчивость бактерий, например, каким образом лекарство будет воздействовать на кишечную палочку в организме.

На конференции представлены работы, выполненные на стыке наук, например, математической биологии и системному моделированию посвящена отдельная секция. «Математическое моделирование, – поясняет Илья Акбердин, – это попытка на основе различных биологических данных (экспрессия генов, экспрессия белков, общая информация о закономерностях взаимодействия между ними) создать математические модели, которые позволят получить совершенно новые результаты и гипотезы о закономерностях функционирования живых систем. С помощью них можно получить новые данные, которые, в свою очередь, подтвердить или опровергнуть экспериментом. Эта процедура не всегда заканчивается подтверждением теории, это нормально, зато появляется понимание, что нужно двигаться в другом направлении. Эта технологическая цепочка используется во многих областях (в создании трансгенных линий, в геномике, протеомике), везде сначала пытаются разработать математическую модель, а потом смотрят, как она функционирует. Несмотря на технологическое развитие в экспериментальной области, современные методы исследований достаточно дорогостоящее, необходимы оборудование и расходные материалы, поэтому, безусловно, особый интерес представляет разработка теоретических моделей, позволяющих сформулировать и проверить гипотезу на компьютере, а уже потом воспроизвести ее в эксперименте, но направленно».