



Вавиловское общество
генетиков и селекционеров



ИНФОРМАЦИОННЫЙ ЦЕНТР VII СЪЕЗДА ВОГиС

19 июня 2019г.

Перспективы компьютерного моделирования в генетике: завершила работу объединенная секция «Биоинформатика и системная биология»

Объединенная секция симпозиумов III и XVIII «Биоинформатика и системная биология» в рамках Международного Конгресса «VII съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров» завершила второй день работы. 19 июня под руководством акад. РАН Николая Александровича Колчанова и члена-корреспондента РАН Всеволода Юрьевича Макеева ученые обсудили перспективы машинного обучения и компьютерного моделирования в генетике.

Второй день начался с выступления руководителя секции. Доклад В.Ю. Макеева «Функциональный анализ регуляторных полиморфизмов в геномах позвоночных» касался в первую очередь методов оценки последствия мутаций в регуляторных районах. Например, некоторые мутации приводят к онкологии. Если такие мутации не меняют сами белки, а меняют области, которые «включают» и «выключают» гены, то тем самым они «включают» или «выключают» синтез белка. А значит ценно изучение данных механизмов для разработки методов их регуляции. Ученый рассказал о новых приоритетах генетических исследований: «Сейчас появилось большое количество данных, причем это совершенно новые типы данных: секвенирование РНК большого количества одиночных клеток, секвенирование клеток из разных тканей. Фокус внимания смещается к исследованию регуляции «включения» и «выключения» генов у разных типов клеток в разных условиях». Также докладчик акцентировал внимание на ценности машинного обучения в генетических исследованиях: «Везде, где есть большие объемы данных, повышается роль новых методов машинного обучения, их все больше и больше используют для построения моделей и формулировки заключений. Мы работаем в этом направлении, используя самые разные варианты вычислительной генетики, в том числе и метод машинного обучения».

М.н.с. Анна Владимировна Клепикова, выступавшая со следующим докладом, занимается изучением цветения растений. Согласно данным в ее работе «Изучение зацветания *Arabidopsis thaliana* с помощью транскриптомов меристем и листьев», в момент перехода к цветению существенно изменяется прохождение клеточного цикла в апикальной меристеме. В дальнейшем исследователь планирует обнаружить связь регуляторных элементов этих генов с основными изменениями в процессе цветения.

Тему цветения продолжил к. ф.-м. н. Виталий Валерьевич Гурский с докладом «Динамическое моделирование генной сети времени цветения в нуте». Исследование также не обошлось без моделирования. С помощью математического моделирования были протестированы разные гипотезы о том, как основные мобильные активаторы перехода к цветению в нуте взаимодействуют друг с другом: «В перспективе в качестве практического выхода такого исследования можно было бы предложить некий алгоритм контроля цветения нуты», – пояснил докладчик.

«Эволюционный анализ генных сетей абиотического стресса растений» представил к.б.н. Дмитрий Аркадьевич Афонников, чем вызвал в аудитории дискуссию о изменении функции генов в процессе эволюции. Ему был задан резонный вопрос о том, какие именно гены считать «старыми», поскольку выборка генов для исследования может существенно влиять на результаты.

К.б.н. Алексей Владимирович Дорошков представил доклад «Молекулярная эволюция и мета-транскриптомические подходы к анализу ферментов, обеспечивающих устойчивость растений к окислительному стрессу». Нестандартный эксперимент позволил выявить изменения в экспрессии генов в ходе различных стрессовых условий у разных культур и сортов. В качестве «стресса» для растений были выбраны водodefицит, а также холодовой стресс.

Подводя итоги, Всеволод Юрьевич Макеев отметил, что компьютерное моделирование – ценный инструмент в попытках понять программу, заложенную в нашем геноме. В перспективе человечеству стоит научиться не только понимать, но и управлять этой программой.

