



Вавиловское общество  
генетиков и селекционеров



ИНФОРМАЦИОННЫЙ ЦЕНТР VII СЪЕЗДА ВОГИС

23 июня

**Уникальная площадка диалога создателей и пользователей программ анализа современных данных: завершилась VIATA-2019 и началась подготовка VIATA-2020**

22 июня завершила работу ежегодная конференция «Биоинформатика: от алгоритмов к применению (VIATA 2019)», прошедшая в рамках международного конгресса «VII съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров».

Ключевыми докладчиками последнего дня конференции стали профессор Роб Найт (University of California, San Diego), профессор Стивен О'Брайн (СПбГУ), Мари-Аньес Петит (Micalis Institute, INRA) и Тимофей Ермак (BIOCAD).

Профессор Роб Найт выступил с докладом «Взаимосвязь микробиома и экологии с осью «кишечник-мозг». В своем выступлении профессор Найт отметил, что связанные нервные, иммунные и микробиомные системы представляют собой модель, объясняющую, как питание может влиять на работу мозга. Ось микробиота-кишечник-мозг обеспечивает системное понимание изменений в поведении и заболеваемости. Самый эффективный способ обеспечивать здоровье своей микробиоты состоит в том, чтобы следить за тем, что ты ешь, так как эффект от диеты значительно превосходит эффект генотипа. При этом показано, что краткосрочная диета малоэффективна. Изменения возможны при соблюдении диеты не менее 6-12-ти месяцев. Доклад был отмечен бурными аплодисментами слушателей.

Выступление профессора Стивена О'Брайна «Изменения в сравнительной геномике млекопитающих» было посвящено результатам работы международного проекта «Genome-10K», в рамках которого было просеквенировано, собрано и проанализировано около 10000 геномов позвоночных. В докладе ученый отметил, что полученные данные позволяют лучше взглянуть на закономерности изменений в организации генома млекопитающих.

Тимофей Ермак выступил с докладом «HEDGE: Highly accurate GPU-powered protein-protein docking pipeline», посвященным недавно разработанному высокопроизводительному инструменту белок-белкового докинга под названием HEDGE. Как рассказал докладчик, прогнозирование белок-белковых комплексов крайне важно в фармакологии. Но из-за большого объема данных и обширного пространства решений эта задача является одной из самых сложных в структурной биоинформатике.

В работе последнего дня конференции принял участие помощник президента Российской Федерации А.А.Фурсенко. Андрей Александрович присутствовал на докладе известного французского ученого Мари-Агнес Петит (Micalis Institute, INRA) на тему «Адаптация биоинформатики к исследованиям геномики бактериофагов и виромов». С недавних пор изучение виромов (всего множества вирусов присутствующих в той или иной среде обитания) привлекает к себе все больше внимания, что в свою очередь ведет к бурному

развитию этих исследований и к интереснейшим открытиям. Так, исследования показали, что количество вирусов в природе огромно и их концентрация в природе очень высока. При этом далеко не все они обнаружены и изучены, так как вирусные частицы способны к передаче генетической информации, они представляют привлекательный, но трудный объект исследования. Вопросам анализа вирусных геномов и был посвящен доклад М.-А. Петит. По словам докладчицы, инструменты, адаптированные для бактериальной геномики и метагеномики, часто не приспособлены для исследований бактериофагов. М.-А. Петит и ее коллеги предложили метод, с помощью которого удалось обойти некоторые проблемы сборки генома фагов, и представила результаты исследования.

Подводя итоги конференции, Алла Львовна Лapidус, председатель программного и организационного комитетов конференции, заместитель директора Центра алгоритмической биотехнологии Института трансляционной биомедицины СПбГУ, профессор кафедры цитологии и гистологии СПбГУ отметила, что, высказывая в кулуарах свое мнение о конференции, участники неоднократно говорили, что конференция ViATA является уникальной площадкой, на которой происходит активный диалог между создателями программ анализа современных данных и их пользователями и таких площадок мало не только в России, но и в мире. «Слышать такое, безусловно, отратно, ведь именно эту задачу мы и ставили перед собой, затеяв 3 года назад конференцию ViATA, - сказала Алла Львовна. – Важно также отметить, что успех конференции не был бы достигнут без участия сотрудников Центра алгоритмической биотехнологии, и в первую очередь я имею ввиду Антона Коробейникова, без наших замечательных докладчиков, волонтеров, обучающихся по программе Биоинформатика и всех вас, участников конференции. До новой встречи на ViATA-2020!»