



Вавиловское общество
генетиков и селекционеров



ИНФОРМАЦИОННЫЙ ЦЕНТР VII СЪЕЗДА ВОГИС

Российская вычислительная генетика и новые возможности: симпозиум «Биоинформатика и системная биология»

В первый день работы Международного Конгресса «VII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров» состоялась первая из трех секций симпозиума «Биоинформатика и системная биология» под председательством Всеволода Юрьевича Макеева, чл.-корр. РАН, д.ф.-м.н., заведующего лабораторией системной биологии и вычислительной генетики Института общей генетики им. Н.И. Вавилова.

В первой секции организаторы постарались объединить доклады, посвященные, преимущественно, биоинформатике в сфере молекулярной генетики. В.Ю. Макеев отметил выход биологии и генетики на первый план науки в качестве источников больших данных и важность внедрения методов машинного обучения в эксперименты в этих сферах.

«Также важная тенденция – переход науки от классической тематики по определению функций белков, кодирующих гены, в область регуляции работы генов», - отметил Всеволод Юрьевич.

Алексей Александрович Пенин, к.б.н., сотрудник лаборатории эволюционной геномики ФББ МГУ, выступил с докладом «Эволюция паттернов экспрессии генов у цветковых растений». В работе было предложено использование дополнительных данных - таких, как уровень экспрессии генов – для установления функций генома и представлен новый алгоритм для сопоставления профилей экспрессии.

Юлия Анатольевна Медведева, к.б.н., руководитель группы регуляторной транскриптомики и эпигеномики ФИЦ ФОб РАН, выступила с докладом «Формирование триплексов длинными некодирующими РНК в масштабе полного генома».

Дмитрий Юрьевич Ощепков, к.б.н., сотрудник лаборатории эволюционной биоинформатики и теоретической генетики и лаборатории геномной эволюции макростомид ИЦиГ сибирского отделения РАН, выступил с докладом «Всесторонний анализ совместной встречаемости мотивов по данным ChIP-seq с помощью пакета программ MSCOT». Он описал новый метод выявления композиционных элементов, учитывающий композиционные элементы со спейсером и перекрытием. Метод позволил выявить ранее неизвестные варианты композиционных элементов, а также получить данные по симметрии в композиционных элементах, которые позволяют сделать вывод о том, какой из факторов в составе элемента является ведущим. Это позволит понять как разные регуляторные белки взаимодействуют друг с другом, для правильного переключения генов в разных условиях.

Доклад Марии Георгиевны Самсоновой, проф., д.б.н., сотрудника Института прикладной математики и механики СПбГУ, «Одомашнивание и диверсификация нута» ближе к классической вычислительной генетике, и посвящался предсказаниям фенотипа по генотипу.

Сергей Николаевич Петров, аспирант МФТИ, в докладе «Аннотация геномных графов с помощью машинного обучения» рассказал о методе определения кодирующих белки последовательностей из геномных графов, который позволяет не проводить сложную процедуру сборки генома при наличии секвенированных геномов близких организмов.

Сессия показала, что отечественная вычислительная генетика успешно использует новые возможности, возникающие в результате появления огромных объемов геномных и транскриптомных данных различной природы, и получает перспективные результаты мирового уровня.

