Ведущие ученые обсудили состояние дел в области системной биологии и биоинформатики

30 июня в СПбПУ начал работу Санкт-Петербургский международный симпозиум «Системная биология и биоинформатика». В тематике конференции отражен практически весь диапазон интересов данных научных дисциплин, охватывающий множество аспектов и проблем. Основные темы симпозиума: медицинская системная биология; сигнальные пути и механизмы регуляции в клетке; анализ данных высокопроизводительных экспериментов; новые математические методы и алгоритмы; механизмы взаимодействия патогенов с клеткой-хозяином; кодирующие и некодирующие РНК; эволюционная биоинформатика; микроскопия и анализ интактных биологических систем.

Широкому кругу поднятых вопросов соответствует не менее представительный состав участников. Около 80 ведущих ученых и исследователей из России, Казахстана, Израиля, Саудовской Аравии, Индии, Франции, Испании, Германии, Канады и США, работающих в данном направлении, собрались вместе в Политехе для обсуждения состояния дел в области системной биологии и биоинформатики. Следует отметить, что

официальный язык симпозиума – английский, поэтому все доклады участников, равно как и общение в перерывах между лекциями и сессиями, происходит исключительно на английском.

Системная биология – достаточно новое научное направление, задачей которого является изучение закономерностей организации и функционирования биологических систем разных иерархических уровней и интеграция полученных данных. Системная биология изучает биологические процессы и явления как системы взаимосвязанных компонент и использует комплексный подход, включающий эксперимент и математическое моделирование. Ключевой задачей исследований в области системной биологии является разработка новых методов диагностики и лечения болезней, а также создание новых лекарств.

В последние годы в молекулярной биологии произошел информационный взрыв – появились высокопроизводительные устройства и технологии, позволяющие получать огромные объемы молекулярно-биологической информации. Секвенирование первого генома человека стоило около миллиарда долларов и заняло около 15 лет. Сегодня дело идет к тому, что секвенаторы уже четвертого поколения будут расшифровывать геном человека примерно за 500 долларов, затратив на это несколько минут. Если представить себе тот беспрецедентный объем информации, который появится в самое ближайшее время, становится понятно, что ответом на этот

вызов стало возникновение биоинформатики и информационной биологии. Таким образом, биоинформатика нацелена на вычислительный анализ данных и разработку алгоритмов.

Как истинный междисциплинарный подход, сочетающий науки о жизни и теоретические дисциплины, успехи системной биологии и биоинформатики позволят лучше понять природу таких сложных заболеваний, как рак, нейродегенеративные и сердечнососудистые болезни, а также расшифровать механизмы вирусных инфекций.

Корреспондент Медиа-центра СПбПУ пообщалась с участниками конференции и узнала их мнение – как о самом мероприятии, так и о тенденциях в развитии современной биологии.

Мария САМСОНОВА (Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, д.б.н., профессор кафедры «Прикладная математика», Института прикладной математики и механики) рассказала о том, что происходит с научным направлением, соответствующим тематике конференции, в Политехническом университете, и о том, доклады каких участников наиболее интересны.

- Мария Георгиевна, насколько сильна область биоинформатики и системной биологии в нашем университете?

- В Политехе данное направление представлено моей лабораторией, лабораторией Сергея Нуждина (С.В. Нуждин – руководитель Лаборатории «Системная биология и биоинформатика». – Примеч. Ред.) и лабораторией Дмитрия (Фришмана. – Примеч. Ред.). У нас есть магистерская программа по нейросайенс, по биоинформатике, биохимии. Университет закупил хорошее оборудование, и экспериментальная работа ведется. Мы работаем на хорошем уровне, что подтверждается в том числе и нашими публикациями.

- А молодежь вовлечена в научно-исследовательский процесс?

- Да, безусловно. У меня магистерская программа, много молодых ребят – очень способных и талантливых. Вот, например, на 5 курсе ребята статьи оформляют, и даже есть одна девушка, которая уже после первого года

обучения в аспирантуре готова защитить свое диссертационное исследование.

- Мария Георгиевна, симпозиум продлится три дня, прозвучит более трех десятков выступлений. Вам как сопредседателю оргкомитета какие из заявленных докладов кажутся наиболее интересными, ожидаемыми?

- Мы старались формировать программу так, чтобы она была интересна всем. У нас будет большая группа французских исследователей, из Института Кюри, они делают интересные работы, о чем было бы интересно послушать. Если судить по первому дню конференции, то дискуссии после выступлений докладчиков были очень жаркими, и это показывает, что всем было интересно.

Дмитрий ФРИШМАН (Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, заведующий Лабораторией «Моделирование сложных биологических систем», член Международного научного совета СПбПУ; Технический университет Мюнхена, Германия) рассказал о мировых научных трендах и доказал, что в России имеется серьезный задел для прорывов в области биоинформатики.

- Дмитрий, существует мнение, что Россия несколько отстает от остального мира в области биоинформатики. Вы с этим согласны?

- Если говорить о биоинформатике, то она в России традиционно была весьма успешной наукой, даже в трудные 90-е годы. Например, Андрей Миронов (А.А. Миронов – д.б.н., к.физ.-мат.н., профессор факультета биоинженерии и биоинформатики МГУ, ведущий научный сотрудник Учебно-научного центра «Биоинформатика» Института проблем передачи информации РАН. – Примеч. Ред.) – еще с советских времен очень сильный ученый. Так вот, очень многие ученые, которые потом уехали на Запад, учились здесь, и до сих пор есть очень сильные группы, в частности группа профессора Гельфанда. Сейчас, наоборот, есть тренд, что очень сильные биоинформатики возвращаются в Россию, хотя бы частично. Вот, например, профессор Бородовский – он живет и работает в Америке, но у него есть группа в Московском физико-техническом институте. Так что, повторю, биоинформатика в России была исторически сильной. Этому есть несколько причин. Во-первых, в России всегда была очень хорошая математическая подготовка. Во-вторых, биоинформатика не требует долгого эксперимента, в принципе, требуются только хорошие головы и компьютер (Смеется.).

Что касается глобальных научных трендов, то сейчас ведущие технические университеты во всем мире имеют очень сильное биологическое направление. Например, Технический университет Мюнхена – он является одним из самых больших и престижных вузов Германии. Его выпускниками являются профессор Дизель и профессор Сименс, то есть вы понимаете, что это сильный технический университет. Но вот life-science кампус этого университета раза в три больше, чем Политех. То же самое можно сказать и

о MIT (Массачусетский институт технологий. – Примеч. Ред.). Поэтому, я считаю, очень важно, что и руководство Политехнического университета распознало эту тенденцию и попыталось создать биомедицинское направление здесь, в инженерном вузе. Это направление уже есть, но его следует укоренить, табулировать и развивать. То есть нужно данные исследования всячески поддерживать и не жалеть на них денег.

- Кого из докладчиков на этом симпозиуме вы послушаете с особенным интересом?

- Будут доклады тех, кто занимается системным моделированием, например Луис Серрано (Luis Serrano, Centre for Genomic Regulation, Barcelona, Spain. – Примеч. Ред.). Меня очень интересует доклад Кристины Фогель (Christine Vogel, New York University, Department of Biology, Center for Genomics and Systems Biology. – Примеч. Ред.), потому что ее область исследований близка к моей. И доклад Георгия Базыкина – он блестящий эволюционист (к.б.н., PhD Принстонского университета, зав. сектором молекулярной эволюции ИППИ РАН, ведущий научный сотрудник факультета биоинженерии и биоинформатики МГУ. – Примеч. Ред.),

Марк БОРОДОВСКИЙ (Georgia Institute of Technology, Georgia Tech, USA) рассказал, как готовит специалистов по биоинформатике в МФТИ и дал совет относительно того, что поможет Политеху войти в топ-100 мировых университетов:

- Марк Юрьевич, Дмитрий Фришман только что рассказал, что вы один из тех российских ученых, которые в 90-е годы уехали работать за границу, а теперь «хотя бы частично» возвращаются на родину. Чем вы занимаетесь в США и теперь уже здесь, в России?

- Во-первых, мне очень приятно, что меня пригласили на эту конференцию. Я работаю в Институте технологий штата Джорджии. Это эквивалент MIT, но на Юго-Востоке Соединенных Штатов. Университет высоко стоит в рейтингах (THE 2015-2016 – 41-е место), в инженерных науках – он один из самых лучших университетов, это его основной профиль. А в области медицинских исследований ДжорджТех работает, например, вместе с Университетом Эмори (THE 2015-2016 – 90-е место).

Я учился вместе с Андреем Мироновым, о котором тоже упомянул Дмитрий, – у нас был один научный руководитель. Андрей остался здесь, в Московском госуниверситете, а я переехал в Америку, и с 1990 года работаю в ДжорджТехе. Мы сделали много работ по такой теме, как нахождение генов – об этом я подробно буду рассказывать во время своего доклада. И, должен сказать, что результаты, полученные нами, используются во всем мире. Что касается моей работы в России, то моя должность – заведующий кафедрой биоинформатики в Московском физико-техническом институте, меня пригласили в 2012 году организовать и возглавить эту кафедру. После конференции я сразу еду в Москву на защиту дипломов, будет 6 защит, то есть это уже первый выпуск магистров этой кафедры. В следующем году

также планируется 9 бакалаврских защит и 6 магистерских. Как вы видите, уже формируется группа специалистов-биоинформатиков высокого профиля. Вопрос о том, сможет ли биоинформатика в России занять лидирующие позиции, упирается в следующее. Биоинформатика и системная биология сейчас сильно переплетаются с экспериментальными исследованиями. Просто работать с данными и не иметь тесного контакта с людьми, которые производят эти данные, которые генерируют свои идеи в системной биологии, – это довольно сложно. Что касается экспериментальных исследований в России, я думаю, что пока это может быть таким bottleneck – «узким местом», потому что для этого необходима дорогостоящее оборудование и соответствующие условия.

Я знаю, что Политех имеет цель войти в топ-100 мировых университетов. В настоящее время в мире очень многое делается в направлении биомедицинских наук – это точка роста во всем мире. Поэтому я считаю, что для вашего университета развитие именно этой научной области может быть мощным ресурсом, чтобы добиться своих целей.

Михаил ГЕЛЬФАНД (Институт проблем передачи информации РАН, Москва) в свойственной ему ироничной манере прокомментировал состояние дел в российской биоинформатике и пояснил, чем еще, помимо собственно научного диалога, интересна для него эта конференция:

- Михаил Сергеевич, в первый день симпозиума вы выступили одним из первых. О чем была ваша лекция?

- Я говорил о пространственной структуре ДНК. Потому что если, например, взять ДНК какой-нибудь вашей клетки, растянуть ее, то получится 3 метра. А клетка, ядро – это всего несколько микрон. То есть эти 3 метра в эти несколько микрон как-то упакованы – и это можно изучать. Я говорил о том, как эта пространственная структура связана с тем, как геном работает. Как «упаковка» влияет на работу генома.

- Есть мнение, что в биоинформатике Россия безнадежно отстала. Вы с этим согласны?

- Россия не отстала, потому что, например, то, о чем я рассказывал на своей лекции, сделано целиком в России – вообще не было иностранных соавторов, и опубликовано в солидном научном издании – “Genome Research”. Кроме того, для людей, которые занимаются биоинформатикой, совершенно не важно, где сидят наши экспериментальные коллаборaторы. У нас есть совместные работы с великим «китайским» ученым Филиппом Хайтовичем (закончил биофак МГУ им. Ломоносова, учился и работал в Иллинойском университете в Чикаго, где получил степень PhD, 7 лет отработал в Институте Макса Планка (Германия), сегодня руководит Институтом вычислительной биологии в Шанхае и возглавляет лабораторию в Сколковском институте науки и технологий. – Примеч. Ред.), есть совместные работы с крупным «японским» ученым Олегом Гусевым (ассистент кафедры зоологии беспозвоночных Казанского федерального университета одновременно работает в рамках международного гранта в Национальном институте агробиологических наук японского города Цукуба. Ранее, еще будучи студентом, выиграл грант Министерства образования Японии и уехал осуществлять исследовательский проект в университет города Окаяма. – Примеч. Ред.). Да, данные получены частично в Японии, частично – в Казани, а анализируем мы их в Москве.

- Почему вы участвуете в этой конференции?

- Конференция, доклады, участники – интересные. Но на самом деле здесь собрались люди, которые давным-давно друг друга знают, поэтому не менее важно, что здесь отличная атмосфера для неформального общения – и в этом качестве конференция, несомненно, тоже полезна! (Смеется.)

Материал подготовлен Медиа-центром СПбПУ

Дата публикации: 2016.07.01

>>Перейти к новости

>>Перейти ко всем новостям