

3. ДЕЯТЕЛЬНОСТЬ НАУЧНЫХ СОВЕТОВ

О ДЕЯТЕЛЬНОСТИ НАУЧНОГО СОВЕТА СО РАН ПО БИОИНФОРМАТИКЕ

Научно-образовательная деятельность в области биоинформатики

В первом полугодии 2018-2019 учебного года в рамках Проекта «Новая междисциплинарная магистерская программа НГУ» стартовал пилотный вариант магистерской программы «Информационные технологии, биоинформатика и агротехнологии». В пилотном варианте предусмотрена разработка пяти новых курсов:

- «Компьютерная транскриптомика» (2018-2019 уч. г., 1 семестр);
- «Анализ биологических изображений» (2018-2019 уч. г., 2 семестр);
- «Алгоритмы в биоинформатике» (2019-2020 уч. г., 1 семестр);
- «Введение в управление робототехническими комплексами» (2019-2020 уч. г., 1 семестр);
- «Дистанционное зондирование Земли: алгоритмы, технологии, данные» (2019-2020 уч. г., 2 семестр).

Было набрано 10 магистрантов – по 5 человек на ФЕН (прикреплены к МП «Информационная биология») и ФИТ (прикреплены к МП «Анализ данных»). Разработан и уже прочитан первый пилотный курс «Компьютерная транскриптомика». На курсе апробирован проектный подход – магистранты ФЕН и ФИТ образовывали смешанные команды и совместно решали проектные задачи. Курс получил хорошие отзывы от студентов. По материалам курса готовится методическое пособие.

Проведена подготовительная работа по организации кафедры биоинформатики на ФИТ НГУ. В настоящее время ожидается решение учёного совета НГУ.

Международная деятельность Совета

С 20 по 25 августа 2018 года Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ФИЦ ИЦиГ СО РАН) совместно с Новосибирским государственным университетом (НГУ) провели международную конференцию по биоинформатике регуляции и структуры геномов и системной биологии (Bioinformatics of Genome Regulation and Structure\Systems Biology —

BGRS\SB-2018). Конференции BGRS проводятся в Новосибирске раз в два года (начиная с 1998 года), и текущая конференция, одиннадцатая по счёту, отметила в этом году свой двадцатилетний юбилей. Сопредседателями Программного комитета конференции являются научный руководитель ФИЦ ИЦиГ СО РАН академик Российской академии наук Н.А. Колчанов, ректор НГУ член-корреспондент Российской академии наук М.П. Федорук и профессор Ральф Хофештадт (Университет Билефельда, Германия).

В состав мультikonференции вошли следующие секции, симпозиумы и совещания:

- Секция «Геномика, транскриптомика и биоинформатика»
- Секция «Протеомика»
- Секция «Системная компьютерная биология»
- Секция «Компьютерная фармакология»
- Секция «Биоинформатика и системная биология растений»
- Секция «Организация подготовки кадров для исследований в области биоинформатики и системной биологии»
- Секция «Системная биология старения»
- Секция «Генетика животных»
- Симпозиум «Когнитивные науки, геномика и биоинформатика» (CSGB-2018)
- Симпозиум «Биомедицина, системная биология и биоинформатика» (SBioMed-2018)
- Симпозиум «Биоразнообразие: геномика и эволюция» (BioGenEvo-2018)
- Симпозиум «Математическое моделирование и высокопроизводительные вычисления в биоинформатике, биомедицине и биотехнологии» (MM&HPC-BVB-2018)
- Симпозиум «Системная биология репарации ДНК и программируемой клеточной гибели» (SbPCD-2018)
- Первое Российско-Китайское рабочее совещание по интегративной биоинформатике и компьютерной системной биологии
- Семинар в рамках «Трёхстороннее партнерство — проекты сотрудничества между учеными из Украины, России и Германии».

Целью конференции было обсуждение состояния дел и перспектив развития работ во всех областях биоинформатики и системной биологии; развитие сотрудничества, а также интенсификация научных и образовательных связей между исследователями России и других стран.

Программа конференции включала доклады известных ученых России, ближнего и дальнего зарубежья. В конференции приняли участие научные сотрудники институтов РАН, преподаватели вузов, аспиранты, студенты, зарубежные ученые, представители коммерческого сектора, работающего в сфере тем конференции.

В ходе конференции BGRS\SB-2018 были представлены пленарные лекции (11 лекций), 311 устных докладов, 315 стендовых. На всех мероприятиях и сессиях конференции было зарегистрировано 722 ученых из 27 стран (России, Австрии, Азербайджана, Белоруссии, Казахстана, Канады, Германии, Китая, Индии, Ирана, Испании, Италии, Финляндии, Франции, Нидерландов, Норвегии, Польши, Сингапура, Сербии, Таиланда, Тайваня, Великобритании, Швеции, США, Украины, Кубы, Киргизии). Рабочим языком BGRS\SB-2018 был английский.

Экспертно-аналитическая работа

Совет выделяет в качестве ключевых следующие направления биоинформатики и системной компьютерной биологии:

1. Компьютерная геномика и транскриптомика, включая разработку программного обеспечения для обработки больших генетических данных, получаемых на основе высокопроизводительных омиксных технологий (геномики, транскриптомики, протеомики, метаболомики) при проведении экспериментальных исследований на микроорганизмах, растениях, животных и человеке; компьютерная регуляторная геномика (распознавание регуляторных элементов и функциональных сайтов в больших массивах нуклеотидных последовательностей); разработка компьютерных методов для исследования влияния полиморфизмов в регуляторных районах и кодирующих генов на формирование фенотипических признаков организмов;

2. Полногеномный компьютерный ассоциативный анализ: разработка методов поиска статистически значимых зависимостей между вариантами генетической изменчивости и количественными фенотипическими признаками организмов, включая биомедицински-значимые характеристики человека;

3. Структурная компьютерная биология: компьютерный анализ молекулярных механизмов влияния мутаций на структурно-функциональные свойства белков, значимые для биомедицинских приложений; предсказание молекулярных мишеней в пространственной структуре белков и на этой основе - компьютерный дизайн химических соединений - кандидатов для разработки новых лекарств;

4. Компьютерная системная биология: реконструкция и анализ структурно-функциональной организации генных сетей на основе анализа больших генетических данных; компьютерное моделирование динамики функционирования и эволюции генных сетей;

5. Компьютерная биология развития: моделирование генетически контролируемых процессов развития растений и животных;

6. Разработка методов искусственного интеллекта и машинного обучения для анализа и моделирования больших генетических данных, а также автоматического извлечения знания из текстов научных публикаций и фактографических баз данных.