



Планета генов



Студенческая газета кафедры зоологии, физиологии и генетики
биологического факультета ГГУ им. Ф. Скорины
Выпуск 54 июнь 2020

Наши новости

18 июня отмечает 70-летний юбилей профессор кафедры ботаники и физиологии растений, доктор биологических наук, профессор Александр Михайлович ДВОРНИК. Ученый, чье имя включено в энциклопедию известных ученых мира.

АМ Дворник – автор более 180 научных и научно-методических работ, в том числе двух монографий. Имеет 10 авторских патентов на изобретения, в том числе отечественных и зарубежных. За свой многолетний труд имеет многочисленные грамоты и поощрения, в том числе грамотой Гомельского областного Совета депутатов (2000 год), почетной грамотой Института леса НАН Беларуси (2003 год) и грамотой Министерства образования (2007 год).

Вся трудовая жизнь доктора биологических наук, профессора Александра Михайловича Дворника связана с Гомельским государственным университетом имени Франциска Скорины. Сердечно поздравляем Александра Михайловича с юбилеем. Желаем ему крепкого здоровья и дальнейших творческих успехов, выражаем слова глубочайшей признательности за его добросовестный труд и преданность своему делу.

«Ты никогда не решишь проблему, если будешь думать так же, как те, кто её создал»
- Альберт Эйнштейн

В этом выпуске:

Наши новости	1
Ученые РФ и США создали алгоритм поиска родственных связей между животными	2-3
Зарядка для ума	4



Ученые РФ и США создали алгоритм поиска родственных связей между животными

Российские ученые из Университета ИТМО вместе с американскими коллегами создали программу, позволяющую быстро и эффективно находить похожие участки в геномах разных животных. Это необходимо для того, чтобы понять, насколько два вида близки друг к другу и насколько они отошли в ходе эволюции от общего предка.



Современная генетика — это работа с огромным массивом данных, с которым не справиться без помощи сложных математических алгоритмов. Поэтому разработка специальных программ для обработки информации — не менее важная задача для биоинформати-

ков, чем расшифровка генома конкретного животного.

На планете Земля обитают миллионы биологических видов. Их огромное разнообразие заложено на генетическом уровне — анатомия, размер, окрас, образ жизни животных определяются их генами.

Между тем вариативность самих генов заметно меньше — их ученые насчитали чуть более 20 тысяч. Получается, что два вида отличаются друг от друга не только набором генов, но и тем, как они расположены друг относительно друга. На языке сравнительной геномики это называется синтения — порядок расположения генов и регуляторных элементов.

«Возьмем, к примеру, гориллу и шимпанзе, — приводятся в пресс-релизе уни-

верситета слова первого автора статьи Ксении Крашенинниковой, инженера-исследователя из Лаборатории компьютерных технологий ИТМО. — Эти два вида имеют одинаковый набор генов, но элементы их регуляции и перестройки генома создают немного разный порядок, что приводит к отличиям между этими приматами».

Таким образом, чтобы понять, насколько два вида эволюционно близки друг к другу, ученым нужно знать не только какие у них гены, но и то, как эти гены располагаются в хромосоме, много ли у животных общих фрагментов генома или синтенных блоков.

Но геномы млекопитающих состоят из миллионов и миллиардов пар оснований. Без технологий обработки больших

Ученые РФ и США создали алгоритм поиска родственных связей между

данных освоить такой объем практически невозможно. Поэтому ученые создают программы, позволяющие решать задачи такого уровня.

Разработка специалистов научно-образовательного центра Геномного разнообразия Университета ИТМО получила название *halSynteny*. Как утверждают ее создатели, она справляется с поиском синтенных блоков быстрее и лучше, нежели другие программы, созданные для этой цели, используя при этом данные в двух стандартных, хорошо известных форматах.

«Нашей целью было написать алгоритм, который было бы легко применить к доступным данным, — рассказывает Крашенинникова. — Некото-

рые подходы к поиску синтенных последовательностей основываются на предварительной аннотации генов, а наш метод работает немного иначе. Мы не используем дополнительную аннотацию. Мы используем метод выравнивания, то есть разные участки одного генома сопоставляются по степени схожести с участками другого генома. Таким образом мы можем выделить гомологичные участки, то есть обладающие одним и тем же происхождением».

Программа обрабатывает данные в два раза быстрее по сравнению с другим популярным методом *SatsumaSynteny2*. Высокая производительность была достигнута за счет реализации на языке C++ математически эффективного алгоритма.

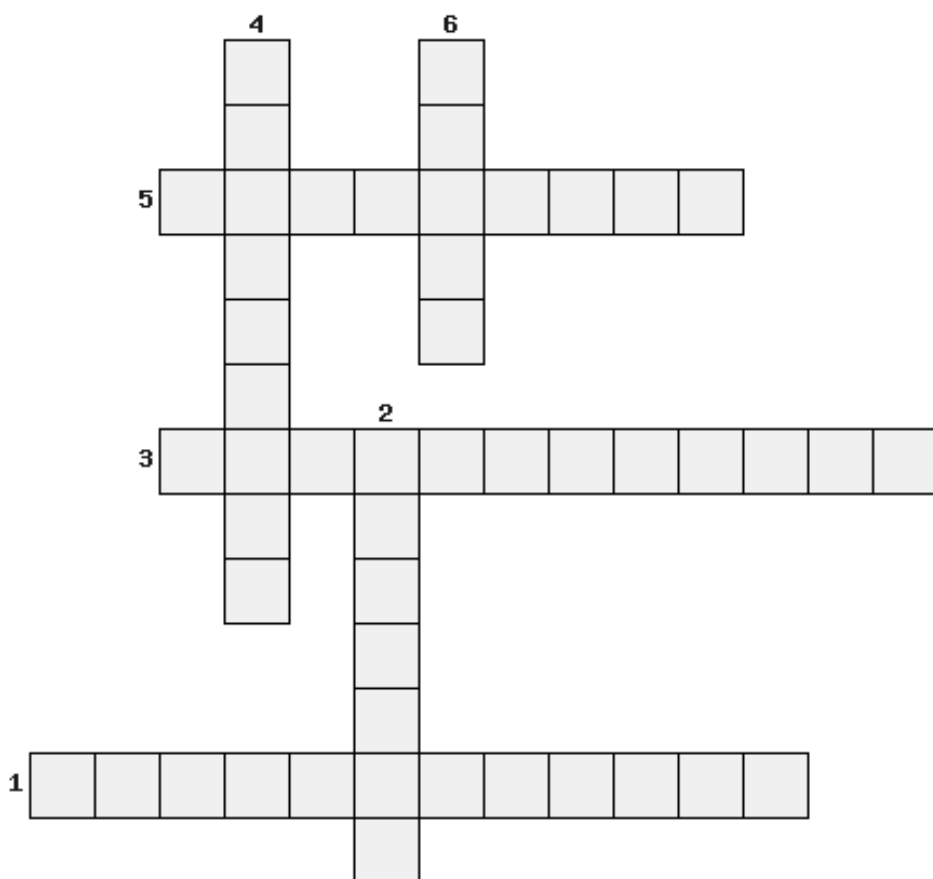
Для проверки своей разработки ученые сравнили с помощью *halSynteny* геномы кошки и собаки.

«Мы показали, что крупные фрагменты хромосом кошки и какие-то фрагменты хромосом собаки объединяются в синтенные блоки, то есть они произошли от одних и тех же хромосом общего предка. На этой основе уже можно делать выводы о том, как происходил эволюционный процесс. Так, мы увидели, что кошки по сравнению с общим предком хищных имеют менее перестроенный геном, нежели собаки», — добавляет исследователь.

Авторы планируют использовать новый алгоритм и в других исследованиях по сравнительной геномике, проходящих в Университете ИТМО.

Зарядка для ума

1. Процесс обмена участками гомологичных хромосом во время конъюгации в профазе первого деления мейоза .
2. Стойкое (то есть такое, которое может быть унаследовано потомками данной клетки или организма) изменение генома.
3. Способность генотипа формировать в онтогенезе, в зависимости от условий среды, разные фенотипы. Характеризует долю участия среды в реализации признака и определяет модификационную изменчивость вида.
4. Нуклеопротеидные структуры в ядре эукариотической клетки, в которых сосредоточена бóльшая часть наследственной информации и которые предназначены для её хранения, реализации и передачи.
5. Совокупность организмов одного вида, длительное время обитающих на одной территории (занимающих определённый ареал) и частично или полностью изолированных от особей других таких же групп.
6. Высокомолекулярные органические вещества, состоящие из альфа-аминокислот, соединённых в цепочку пептидной связью.



<p>Учредитель: студенческий актив кафедры зоологии, физиологии и генетики</p> <p>Авторы напечатанных материалов несут полную ответственность за подбор и точность приведенных фактов.</p> <p>Email:</p> <p>Сайт газеты: http:// vk.com/gensplanet</p>	<p>ПЛАНЕТА ГЕНОВ</p> <p>Студенческая газета кафедры зоологии, физиологии и генетики биологического факультета ГГУ им. Ф. Скорины</p> <p>Наш адрес: 246019, г. Гомель, ул. Советская, 108, к. 3-9</p>	<p>Главный редактор: Щербакова А. Л.</p> <p>Редколлегия: Павлюк М., Дудина В., Румянцева В.</p> <p>Редактора-оформители: Зяцьков С.А, Лысенко А.Н</p>
---	--	--