

Проекты ШМТБ-2021

PR01 Эволюция сложности: Так ли просты бактерии, как мы привыкли о них думать? (языки: русский и английский)	2
PR02 Эволюционный квест: как вирус убегает от лекарств (языки: русский и английский)	3
PR03-PR05 Лаборатория Дмитрия Иванкова (языки: русский и английский)	5
PR06 Зеленые космонавты: предсказание регуляторных путей, определяющих ответ на условия космического полёта у растений (языки: русский и английский)	7
PR07 Двойники или братья? Генетические основы эволюции клеточных типов врождённой иммунной системы (языки: русский и английский)	8
PR08 Магнитная магия марганца против холода и засухи: опыт кукурузы (языки: русский и английский)	9
PR09 Эволюция обхода иммунной системы (языки: русский и английский)	10
PR10 Сохранение вторичной структуры РНК в ходе эволюции (языки: русский и английский)	11
PR11 Изучение регуляторных элементов у дрожжей и диктиостелиума (языки: русский и английский)	12
PR11a Геном в геноме. Выделение геномной последовательности потенциального бактериального эндосимбионта губки <i>Halisarca dujardini</i> (языки: русский и английский)	13
PR12 Разработка пайплайна для обработки данных секвенирования с длинными ридями, полученных в ходе экспериментов по адаптивной эволюции (языки: русский и английский)	14
PR13 Создание искусственных данных экспрессии генов с помощью нейросетей (языки: русский и английский)	15
PR14 Гомология клеток крови насекомых (языки: русский и английский)	16
PR15 Временные ряды для графов ДНК-ДНК взаимодействий (языки: русский и английский)	18
PR16 Потери и дубликации генов в ходе адаптивной радиации амфипод озера Байкал (языки: русский и английский)	19
PR17 Глубокое обучение в разработке лекарственных препаратов (языки: русский и английский)	20
PR18 Исследование альтернативного (мира) сплайсинга или Изучение распределения моделей альтернативного сплайсинга у разных таксонов (языки: русский и английский)	21
PR19 Биомаркеры ротоглоточной карциномы у населения Тайваня (языки: русский и английский)	22
PR20 Лаборатория функциональной транскриптомики уникальных организмов (языки: русский и английский)	23

PR01 Эволюция сложности: Так ли просты бактерии, как мы привыкли о них думать? (языки: русский и английский)

Руководители проекта: Ольга Бочкарёва, Наталия Драненко
Сотрудники: Айгуль Насибуллина, Александр Чистяков, Вера Емельяненко

Ротации доступны для: GMT+4 - GMT+8



Мы привыкли думать, что бактерии хорошо изучены, так как они используются в разных отраслях промышленности. Но так ли хорошо мы знаем свои инструменты?

Да, бактерии просты и даже примитивны по сравнению с эукариотическими организмами, ведь их геномы обычно состоят из единственной кольцевой хромосомы. Но если присмотреться к бактериальному миру, мы увидим много исключений из этого правила: появление дополнительных кольцевых, линейных хромосом, слияние хромосом и плазмид и многое другое. Иногда эти изменения могут происходить буквально на глазах за счет пластичности и открытости геномов.

В нашей лаборатории мы изучаем эволюцию бактериальных геномов, чтобы понять закономерности и механизмы, стоящие за такими событиями. В научных проектах этого года мы сфокусируемся на вторичных репликациях (плазмиды, мегаплазмиды, хромиды) и сравним паттерны накопления генов на разных элементах генома. Особое внимание мы уделим генам, которые дублировались в каком-то организме, ведь эти дополнительные копии становятся основой для появления генов с новыми функциями. Мы предполагаем, что наличие дополнительных репликаций может снижать давление отбора на размер генома и создавать благоприятные условия для формирования генов с принципиально новыми функциями.

PR02 Эволюционный квест: как вирус убегает от лекарств (языки: русский и английский)

Руководители проекта: Пётр Власов, Дмитрий Коркин

Сотрудники: Иванна Остапчук, Яков Боганцев, Полина Авдюнина, Анжелика Додонова, Марлэн Токтомаматов, Софья Беляева

Ротации доступны для: GMT-4 - GMT+8



Одной из интереснейших задач современной биологии является изучение эволюции белков - главных функциональных молекул жизни - как процесса «блуждания» в невообразимо огромном «пространстве вариантов». Каждая точка в этом пространстве соответствует некоторой возможной последовательности белка, а переходы между точками (и расстояния, «преодолеваемые» при этих переходах) соответствуют эволюционным событиям (мутациям): заменам аминокислотных остатков, вставкам и делециям. Конечно, многие из точек оказываются «неподходящими» - из-за неадекватных структурных/функциональных свойств соответствующих белковых молекул. А вопросы о том, каково соотношение «хороших» и «плохих» вариантов, насколько трудно эволюционному процессу «найти» новое подходящее состояние, и как в целом устроено это пространство - остаются открытыми для науки. В нашем проекте мы хотим изучить «пространство вариантов» для некоторых конкретных вирусных белков - и для этого совместить подходы из двух областей биологии: структурной и эволюционной.

Преамбула: среди эффективных и широко используемых противовирусных препаратов есть такие, чей механизм действия основан на прямом взаимодействии молекулы лекарства с молекулой белка-«мишени». Если это взаимодействие сильно, оно приводит к нежелательным - для жизненного цикла вируса - структурным изменениям (например, белки оболочки вируса не могут

собраться в нормальную форму, им физически «мешает» молекула лекарства). Но благодаря многочисленным случайным мутациям (что типично для вирусов) белки-мишени могут приобрести такие варианты, которые в целом сохраняют их функциональности но и локально меняют структуру и существенно ослабляют (или вовсе «обнуляют») взаимодействие с конкретными лекарственными препаратами. По сути, таким образом вирус «убегает» от действия лекарств, вновь активно «атакует» клетки организма и продолжает эффективно размножаться.

В нашем проекте мы выберем белки-мишени из опасных для человека вирусов и противовирусные лекарственные препараты, для которых неплохо изучен молекулярный механизм действия - и даже известны некоторые «уводящие» (от лекарств) мутации. И проведем масштабное компьютерное моделирование широкого разнообразия потенциальных вариантов вирусных белков (эти варианты, в большинстве своём, попросту не могут быть напрямую экспериментально изучены – из-за сложности и дороговизны такой работы). Далее мы хотим, во-первых, смоделировать большое количество вариантов (мутантов) вирусных белков, дабы понять, какие из них будут хорошо, а какие плохо взаимодействовать с лекарственными препаратами - это будет «структурной» частью проекта. Во-вторых, мы хотим изучить распределение этих мутаций в виртуальном «функциональном пространстве вариантов», чтобы понять, какие переходы между «плохими» и «хорошими» (для вируса) вариантами потенциально возможны и насколько сложно (а может, напротив, очень просто?) устроены «маршруты», по которым вирусы «убегают» от действия лекарств - это «эволюционная» часть проекта.

PR03-PR05 Лаборатория Дмитрия Иванкова (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Дмитрий Иванков
Сотрудники: Марина Пак

Ротации доступны для: GMT+1 - GMT+8



PR03 1. Предсказание изменение стабильности белка вследствие мутации по модели и последовательности

Вычислительное предсказание изменения стабильности белка вследствие мутации является важной задачей структурной биологии. На сегодняшний день доступны методы, позволяющие оценить эффект мутации лишь по последовательности белка. Тем не менее, предсказание с использованием 3D структуры является более точным. Однако не для всех белков доступна экспериментально определенная 3D структура. Тем не менее её можно создать с помощью методов моделирования. В проекте предлагается определить, какой подход является более точным к вычислению изменения стабильности белка: предсказания по последовательности или предсказание по модели 3D структуры. Для этого предлагается использовать популярный метод предсказания изменения стабильности по последовательности и структуре DDGun и точнейший на сегодняшний день метод предсказания 3D структуры белка AlphaFold2.

PR04 2. Игры с AlphaFold2

Предсказание трёхмерной (3D) структуры белка по его аминокислотной последовательности на протяжении 50 лет было неприступной задачей для учёных. В прошлом году произошёл прорыв: команда искусственного интеллекта DeepMind создала программу AlphaFold2, которая может предсказывать 3D структуру белка по последовательности с экспериментальной точностью! Три недели назад программа и её код были раскрыты, и теперь у нас есть возможность испытать AlphaFold2 в деле!

1) **AlphaFold2 и изменение стабильности вследствие мутации.** Главный вопрос, который нас интересует: а может ли быть полезен AlphaFold2 для предсказания изменения стабильности белка вследствие мутации? В этом проекте мы предскажем с помощью AlphaFold2 структуры

мутантных белков, а дальше попробуем найти характеристики предсказания, которые бы коррелировали с экспериментальным изменением стабильности

2) **AlphaFold2 и случайные последовательности.** Но для разминки мы протестируем адекватность предсказаний AlphaFold2 на простых примерах. А именно, посмотрим, какие предсказания будет выдавать AlphaFold2 для аминокислотных последовательностей, которые не являются белками. Для этого мы будем брать последовательности белков и перемешивать в них аминокислоты, а затем для такой “рандомизированной” последовательности будем делать предсказания.

3) **AlphaFold2 и метаморфные белки.** Ещё одним тестовым примером являются очень редкие белки, у которых стабильны сразу две по-разному свёрнутые структуры. Такие белки называются “метаморфными”. На данный момент их известно больше 10. Получится ли у AlphaFold2 предсказать сразу две структуры?

4) **AlphaFold2 без множественного выравнивания.** Залогом успеха для стабильной работы AlphaFold2 является наличие толстого множественного выравнивания. Насколько критично его наличие для предсказаний? Для тестирования мы будем делать предсказания для белков, для которых отсутствует множественное выравнивание. К сожалению, таких белков немного, однако они есть -- это, например, некоторые белки, созданные искусственно.

PR05 3. Обмен сигнальными пептидами

Сигнальные пептиды -- короткие N-концевые участки секретируемых белков, отрезаемые после успешного транспорта. Хорошо известно, что давление отбора на последовательности сигнальных пептидов значительно меньше того, которое действует на последовательности зрелых белков. Тем не менее, из сравнения гомологичных белков мы видим, что иногда последовательности сигнальных белков более похожи, чем последовательности зрелых белков. Цель проекта -- выявить возможные причины этого наблюдения.

PR06 Зеленые космонавты: предсказание регуляторных путей, определяющих ответ на условия космического полёта у растений (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Алексей Дорошков, Александр Бобровских

Ротации доступны для: GMT+1 - GMT+8

Условия космического полёта значительно влияют на жизнедеятельность организмов. В условиях космической станции на растения действуют стрессовые факторы, прежде всего ничтожно малая гравитация и различные излучения. В связи с необходимостью культивировать пищевые ресурсы в течение космического полёта возникает необходимость в детальном изучении механизмов ответа растений на эти условия.

За последние годы накопился массив данных о массовом изменении в работе генов во время космического полёта. Сотни экспериментов, которые были выполнены в разных условиях - от моделирования условий полёта на земле, суборбитальных полётов, а также в условиях орбитальных космических станций. Большая вариабельность условий экспериментов позволяет провести массовый анализ таких данных и установить связь между активацией отдельных генетических систем и особенностями условий полёта.

PR07 Двойники или братья? Генетические основы эволюции клеточных типов врождённой иммунной системы (языки: русский и английский)

Руководители проекта: Алексей Дорошков

Сотрудники: Максим Дерюженко, Елизавета Сильванович

Ротации доступны для: GMT+1 - GMT+8

Одним из основных фундаментальных принципов организации многоклеточных животных является специализация клеток на функциональные группы или типы. В процессе эволюции число клеточных типов неуклонно растёт. Есть клеточные типы, широко распространённые среди Bilateria - от круглых червей до позвоночных. Это например нервные и мышечные клетки. Эти клетки демонстрируют морфологическое соответствие между эволюционно далёкими видами. А по современным данным генетические регуляторы их дифференцировки также соответствуют друг другу между видами. Это позволяет считать их полноценными гомологами, то есть утверждать, что эти клеточные типы имели общих предков. Однако, существуют клеточные типы, эволюционное происхождение которых на данный момент покрыто завесой тайны. Таковы, например, клетки врождённой иммунной системы. История изучения этих клеток началась с открытия фагоцитирующих гемоцитов у иглокожих и других беспозвоночных животных. Однако в дальнейшем подобные клетки были открыты у позвоночных животных и у базальных многоклеточных - гребневиков.

В настоящем проекте мы будем реконструировать сеть взаимодействующих генов, определяющих траектории развития клеток врождённого иммунитета и проследим эволюцию ключевых драйверов дифференцировки клеток и попробуем ответить на вопрос о том насколько эти морфологически похожие клетки имеют схожую генетическую природу.

PR08 Магнитная магия марганца против холода и засухи: опыт кукурузы (языки: русский и английский)

Руководители проекта: Ульяна Зубаирова, Алексей Дорошков

Ротации доступны для: GMT+1 - GMT+8

Водный режим растения зависит от факторов окружающей среды и строения проводящей системы и влияет на функционирование и рост клеток. При этом растения, выращенные в разных климатических условиях, отличаются по размерам, морфологии и физиологическим параметрам. Целью проекта является изучение взаимодействия транспортных и ростовых процессов в растениях в условиях стрессовых факторов окружающей среды. Будут изучены данные, полученные в рамках эксперимента, в котором растения кукурузы выращивались в условиях холода, засухи, повышенного и пониженного освещения, засоленности почвы. Во время действия стрессовых факторов ежедневно фиксировался фенотип растений, а в конце эксперимента были получены данные о транспортных процессах в зоне роста листьев методом магнитно-резонансной томографии с контрастом. В качестве контрастирующего агента были использованы ионы марганца. Таким образом, мы свяжем в общую модель развитие растения, в первую очередь процессы роста клеток и тканей, в значительной степени определяющиеся водным транспортом, и функционирование транспортной системы из сосудов ксилемы, которая сама тоже формируется в процессе роста и морфогенеза.

PR09 Эволюция обхода иммунной системы (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Юрий Вульф, Макс Вульф

Ротации доступны для: GMT-7 - GMT+4

В ходе работы мы рассмотрим эволюцию белковых последовательностей, свернутых на пространственной решётке. В такой ситуации, отбор отдаёт предпочтение изменениям на крайних величинах, но при этом может быть ограничен энергией сворачивания.

PR10 Сохранение вторичной структуры РНК в ходе эволюции (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Юрий Вульф, Макс Вульф

Ротации доступны для: GMT-7 - GMT+4

В лаборатории мы анализируем большие нуклеотидные выравнивания, найдём неидеальные палиндромы в консенсусной последовательности, и посмотрим с эволюционной точки зрения насколько существующие последовательности предпочитают сохранять такую палиндромную структуру.

PR11 Изучение регуляторных элементов у дрожжей и диктиостелиума (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Ирина Жегалова

Ротации доступны для: GMT-4 - GMT+4

Регуляторные элементы - важный способ контроля экспрессии генов и, соответственно, реализации программы развития. Энхансеры - удаленные от промоторов элементы, способные образовывать хроматиновые петли с последними и вступать во взаимодействия. Энхансеры характеризуются особыми метками модификации гистоновых хвостов, что лежит в основе методов их поиска. В ходе данного проекта мы рассмотрим подходы к поиску энхансеров с использованием данных об открытости хроматина и гистоновых метках, а также охарактеризуем их способность вступать во взаимодействия с промоторами.

Другая часть проекта (для других ребят или для тех же если будет время) - изучение бивалентного хроматина - регионов, имеющих одновременно активирующие и репрессирующие гистоновые метки. Было показано, что такие участки могут иметь важное значение в дифференцировку у млекопитающих, интересно изучить, встречаются ли подобные регионы у низших эукариот и если да, какую роль они играют в переходе между стадиями развития?

PR11a Геном в геноме. Выделение геномной последовательности потенциального бактериального эндосимбионта губки *Halisarca dujardini* (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Александр Черкасов

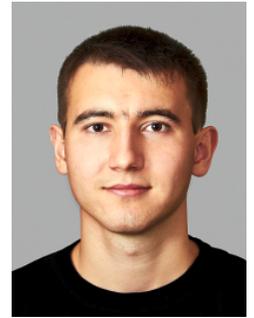
Ротации доступны для: GMT-4 - GMT+4

Контаминация посторонней ДНК достаточно распространенная проблема при сборке геномов различных организмов. Особенно это характерно для образцов полученных из дикой природы, которые могут содержать значительное количество бактериальных симбионтов. Подобные чужеродные последовательности в геномных сборках обычно удаляются, но иногда это бывает непросто, поскольку методы деконтаминации геномных сборок зачастую ориентированы на уже известные организмы контаминанты, геномы которых имеются в базах данных. Методы захвата конформации хроматина (в частности Hi-C) позволяют взглянуть на эту проблему с другой стороны, поскольку позволяют достоверно отличать последовательности ядерной ДНК от остальных. В то же время с использованием данных Hi-C появляется возможность кластеризовать потенциально контаминантные контиги в черновых геномных сборках в группы соответствующие геномам организмов контаминантов или организмов симбионтов.

Холодноводная губка *Halisarca dujardini* обитает на побережья северных морей России. Предыдущие исследования предполагают наличие бактериальных эндосимбионтов. Используя несколько наборов коротких и длинных прочтений, предварительную “черновую” версию генома губки, а так же несколько наборов данных Hi-C, будет сделана попытка выделить, собрать и охарактеризовать геном такого потенциального эндосимбионта.

PR12 Разработка пайплайна для обработки данных секвенирования с длинными ридами, полученных в ходе экспериментов по адаптивной эволюции (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Каталин Руснак
Сотрудники: Алексей Шевкопляс



Ротации доступны для: GMT-4 - GMT+8

Основная цель нашей лаборатории - наладить простой процесс по экспериментальной эволюции и сделать его доступным для всех. На ШМТБ 2019 и 2020 мы работали над недорогим и высокопроизводительным морбидостатом, который можно использовать для адаптации клеток к различным стрессовым факторам, таким как антибиотики или тяжелые металлы. Устройство постепенно повышает уровень стресса, что вызывает отбор подходящих генотипов в постоянно эволюционирующей популяции клеток в пробирке. За несколько дней эволюции в популяции накапливаются мутации, выгодные в таких суровых условиях. Используя полногеномное секвенирование, мы можем идентифицировать эти мутации и понять, как клетки адаптировались к конкретному стрессовому фактору, который мы применили.

У нас есть данные нанопорового секвенирования нескольких геномов *E.coli* и *B.subtilis*, адаптированных к стрессу, вызванному ионами металлов никеля и кобальта. Данные длинных ридов позволят нам выявить относительно крупные мутации, такие как транспозонные вставки, которые, как было показано, играют роль в адаптивной эволюции.

Задача проекта - использовать эти предварительные данные для разработки пайплайна анализа данных для высокопроизводительных эволюционных экспериментов. Длинные риды должны быть собраны в геномы и сравнены с предковым генотипом. Выходные данные должны быть в формате, позволяющем исследователю выбирать мутации разных типов и с разными требованиями к качеству.

PR13 Создание искусственных данных экспрессии генов с помощью нейросетей (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Лаура Авиньо

Сотрудники: Вера Терентьева

Ротации доступны для: GMT-7 - GMT+8

Эксперименты по симулированию данных, то есть производство ненастоящих данных, которые похожие на настоящие, является важной задачей. По сравнению с экспериментальными данными, хорошо симулированные данные позволяют учёным проверять гипотезы быстрее и дешевле, лучше понимать природу биологических объектов и упрощает обмен информацией в научном сообществе.

Мы будем симулировать данные экспрессии простых сетей генетических взаимодействий. Для этого мы будем использовать нейронные сети. Эти алгоритмы машинного обучения могут функционировать как логический вентиль. Тоже самое верно и для сетей генетических взаимодействий. Мы воспользуемся этим сходством между ними, чтобы построить новый алгоритм. С помощью этого алгоритма мы поможем другим учёным симулировать интересующие их генетические сети.

PR14 Гомология клеток крови насекомых (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Сергей Исаев

Ротации доступны для: GMT-7 - GMT+8

Многообразие клеток крови беспозвоночных животных — это сложный и достаточно слабо изученный вопрос. Существует ряд работ с цитологическим описанием популяций клеток крови, также существуют биохимические исследования состава, однако понимание гомологий гемоцитов между различными беспозвоночными животными отсутствует.

Секвенирование РНК одиночных клеток (scRNA-Seq) — это важная NGS-технология, бурно развивающаяся в последние пять лет. При помощи этой методологии можно определять транскриптомы сотен и тысяч одиночных клеток за один эксперимент, что позволяет корректно определять различные типы клеток, а также пути дифференцировки в ткани.

К нынешнему году существуют три организма, для клеток крови которых был сделан эксперимент scRNA-Seq: это комары *Anopheles gambiae* и *Aedes aegypti*, а также плодовая мушка *Drosophila melanogaster*. В ходе проекта планируется провести сравнительный анализ популяций клеток крови этих трёх насекомых, а также определить транскрипционные факторы, ответственные за дифференцировку различных популяций гемоцитов в их крови. В ходе работы предстоит понять, (а) можем ли мы выделить гомологичные клетки крови только благодаря транскриптомам этих клеток, и (б) насколько схожи клеточные популяции гемоцитов у различных двукрылых насекомых. Эта работа может дать начало пониманию гомологии популяций клеток крови и у других беспозвоночных.

PR15 Временные ряды для графов ДНК-ДНК взаимодействий (языки: русский и английский)

Руководители проекта: Александра Галицына, Николай Быков

Ротации доступны для: GMT-7 - GMT+8

В нашей лаборатории мы пытаемся ответить на фундаментальный вопрос в биологии развития. Известно, что в эмбриогенезе эукариот, в частности, млекопитающих и дрозофилы, меняется структура хроматина. Но при этом детали этого процесса исследованы мало. Например, как при этом меняются свойства графа ДНК-ДНК взаимодействий? Мы попробуем использовать знания, полученные в ходе курса “Графы в биологии” и исследовать этот вопрос.

Изменяется ли валентность вершин, количество и средний вес ребер? Какие еще характеристики можно придумать?

Мы можем выделить кластеры в структурах графов (HiChew с Николаем Быковым) и попробовать разобраться в том, чем вызваны изменения.

Что происходит पहले, изменение регуляторного состояния участка (эпигенетические модификации, открытость хроматина), экспрессия генов или изменение структуры хроматина?

Мы попробуем взять кластеры границ ТАДов для разных организмов, запустить HiChew и провести ассоциацию с имеющимися эпигенетическими данными.

В нашей лаборатории Вы освоите такие инструменты: Jupyter notebook in Python, работа с геномом и геномными участками в Python, чтение файлов аннотации, построение графиков средней границы/ТАДа, обогащение профиля аннотации, методы кластеризации. Вы не раз встретите эти инструменты как в прикладной биоинформатике, так и в биотехе. Навыки работы с данными, которые вы получите, не раз пригодятся в дальнейшей научной работе.

PR16 Потери и дубликации генов в ходе адаптивной радиации амфипод озера Байкал (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Лев Ямпольский

Сотрудники: Лариса Окорокова, Штефан Риглер, Евгения Правдолюбова

Ротации доступны для: GMT-4 - GMT+4

Откуда берутся новые гены? Куда и как быстро пропадают ненужные? Для ответа на эти вопросы полезно изучать близкородственные виды с богатой филогенетической историей - то есть клады богатые видами, а также группы приспособившиеся к новым условиям среды. Идеальная модель для таких исследований - эндемичных адаптивной радиации такие например как амфиподы озера Байкал. Мы картируем транскриптомы Байкальских гаммарусов на предковом геноме и посмотрим в каких семействах генов произошли потери и дубликации генов - среди семейств генов функционально важных для выживания в уникальных условиях Байкала, нынешних и палеоклиматических условий.

PR17 Глубокое обучение в разработке лекарственных препаратов (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Ольга Калинина

Сотрудники: Илья Сенаторов, Илья Мазеин

Ротации доступны для: GMT-4 - GMT+8

Искусственный интеллект и машинное обучение играют важную роль во биологически-ориентированных областях исследований, в том числе в поиске новых лекарственных препаратов. В нашей лаборатории мы будем использовать новейшие методы глубокого обучения для того, чтобы начать знакомится с этим замечательным направлением научных исследований. В частности, мы будем тренировать новую модель используя глубокие графовые нейронные сети для предсказания взаимодействий небольших молекул с важными лекарственными мишенями.

PR18 Исследование альтернативного (мира) сплайсинга или Изучение распределения моделей альтернативного сплайсинга у разных таксонов (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Ольга Цой
Сотрудники: Любовь Лонишин, Григорий Рябых

Ротации доступны для: GMT-4 - GMT+8



Добро пожаловать в альтернативный мир сплайсинга! Гены эукариот состоят из участков - экзонов и интронов. Альтернативный сплайсинг “виноват” в том, что экзоны и интроны могут сочетаться в разных комбинациях, и из одного гена получается много мРНК и белков. Существует несколько моделей альтернативного сплайсинга: пропуск экзона, удержание интрона, взаимоисключающие экзоны и т. д. У каких организмов чаще пропускаются экзоны, а у каких удерживаются интроны? Может быть у всех все одинаково - и у человека, и у мухи, и у резуховидки? А если нет - дают ли все программы анализа одинаковый ответ? Дают ли все биологические данные одинаковый ответ? Попробуем ответить на эти вопросы. Для этого овладеем навыками поиска и анализа биологических данных, научимся ставить биоинформатические программы с закрытыми глазами и красиво и честно представлять полученные результаты.

PR19 Биомаркеры ротоглоточной карциномы у населения Тайваня (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Катерина Нуждина

Сотрудники: Алексей Ефремов, Ярослав Лозинский

Ротации доступны для: GMT-7 - GMT+8

Для всестороннего понимания болезней и здорового организма необходимо научиться интерпретировать сложные молекулярные взаимодействия и изменчивость на разных уровнях. Развитие высокоскоростных аналитических методов, таких как секвенирование следующего поколения, произвело революцию в онкологии. Подходы, интегрирующие разные данные типа “-омика”, потенциально способны описать молекулярную природу раковых заболеваний и улучшить наше понимание влияния генетической изменчивости на их лечение.

Наша основная цель заключается в интеграции разного типа данных (полных экзомов и РНК секвенирования) полученных из пациентов с плоскоклеточным раком ротовой полости. Мы попробуем верифицировать данные одной работы, в том числе, их данные по влиянию лечения на выживаемость пациентов.

PR20 Лаборатория функциональной транскриптомики уникальных организмов (языки: русский и английский)

Руководитель проекта: Олег Гусев

Сотрудники: Александр Декан, Руслан Девятяров

Ротации доступны для: GMT-7, GMT+1 - GMT+8

Среди огромного разнообразия живых форм на Земле, существует целый ряд видов животных обладающих необычными способностями адаптации к экстремальным условиям среды. В нашей лаборатории, используя данные экспрессии РНК мы изучим несколько случаев таких адаптаций, и постараемся проследить судьбу появления в геноме новых генов обеспечивающих "суперспособности", а также изменения в регуляции генов, которые позволяют появляться новым необычным приспособлениям к неблагоприятным условиям среды.