

ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ

Карпенко Анна

ПОЧЕМУ БИОЛОГИЯ ПЕРЕСТАЛА СПРАВЛЯТЬСЯ БЕЗ ИНФОРМАТИКИ?

DNA: TTTTTTTTTTTT

RNA:



АКТУАЛЬНОСТЬ

ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННАЯ МЕДИЦИНА

Проблема

У каждого человека уникальный геном, и одни и те же лекарства могут по-разному влиять на разных людей.

Решение с помощью биоинформатики

Анализ генетических данных: Используя секвенирование генома пациента, биоинформатические инструменты могут выявить генетические вариации, которые влияют на реакцию человека на определенные лекарства.

Фармакогеномика: Определение того, какие лекарства будут наиболее эффективны и безопасны для конкретного пациента на основе его генотипа.

ИССЛЕДОВАНИЕ РАКА

Проблема

Рак – это генетическое заболевание, вызванное мутациями в клеточной ДНК. Выявление специфических мутаций, которые приводят к раковым заболеваниям, а также развитие таргетных методов лечения.

Решение с помощью биоинформатики

Анализ мутационных профилей: Выявление и каталогизация мутаций в раковых клетках, которые отличаются от здоровых клеток.

Таргетная терапия: Разработка лекарств, которые нацелены на специфические мутации или молекулярные пути, связанные с раком.

Предсказание рецидивов: Моделирование и прогнозирование возвращения рака после лечения на основе геномных данных пациента.

ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ АННОТАЦИЯ ГЕНОМА

Проблема

Определение функций всех генов в геноме – сложная задача, учитывая объем и сложность генетических данных.

Решение с помощью биоинформатики

Предсказание функций генов: Использование компьютерного анализа для предсказания функции генов на основе последовательности, структуры и экспрессии.

Геномные базы данных и алгоритмы аннотации: Создание и использование автоматизированных систем для аннотации генов в новых геномах с использованием информации из уже известных данных.

ЭВОЛЮЦИОННАЯ БИОЛОГИЯ

Проблема

Понимание эволюционных процессов, которые привели к текущему биоразнообразию.

Решение с помощью биоинформатики

Сравнительная геномика: Сравнение геномов различных организмов для выявления эволюционных изменений и закономерностей.

Филогенетика: Построение филогенетических деревьев и моделей эволюции для понимания родственных связей между видами.

ИЗУЧЕНИЕ МИКРОБИОМОВ

Проблема

Понимание роли
микробиомов в
здоровье и
окружающей
среде.

Решение с помощью биоинформатики

Метагеномика: Анализ генетического материала, извлеченного напрямую из экологических образцов, для определения состава и функций различных микробных сообществ.

Микробные взаимодействия: Моделирование и анализ взаимодействий между различными видами микроорганизмов и их влияния на своего хозяина или на окружающую среду.

ПРОГНОЗИРОВАНИЕ СТРУКТУРЫ БЕЛКОВ

Проблема

Определение трехмерной структуры белков на основе их аминокислотной последовательности, что имеет критическое значение для понимания их функции и для разработки лекарств.

Решение с помощью биоинформатики

Разработка алгоритмов предсказания структуры: Использование методов машинного обучения и моделирования для предсказания трехмерной структуры белков.

Компьютерное моделирование: Структурное моделирование молекулярных взаимодействий для разработки новых лекарственных средств.

ПАНДЕМИИ И ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ

Проблема

Быстрое распространение инфекционных заболеваний требует быстрого и точного мониторинга и реагирования.

Решение с помощью биоинформатики

Эпидемиологическое моделирование:

Создание моделей распространения инфекционных заболеваний для прогнозирования вспышек и планирования мер реагирования.

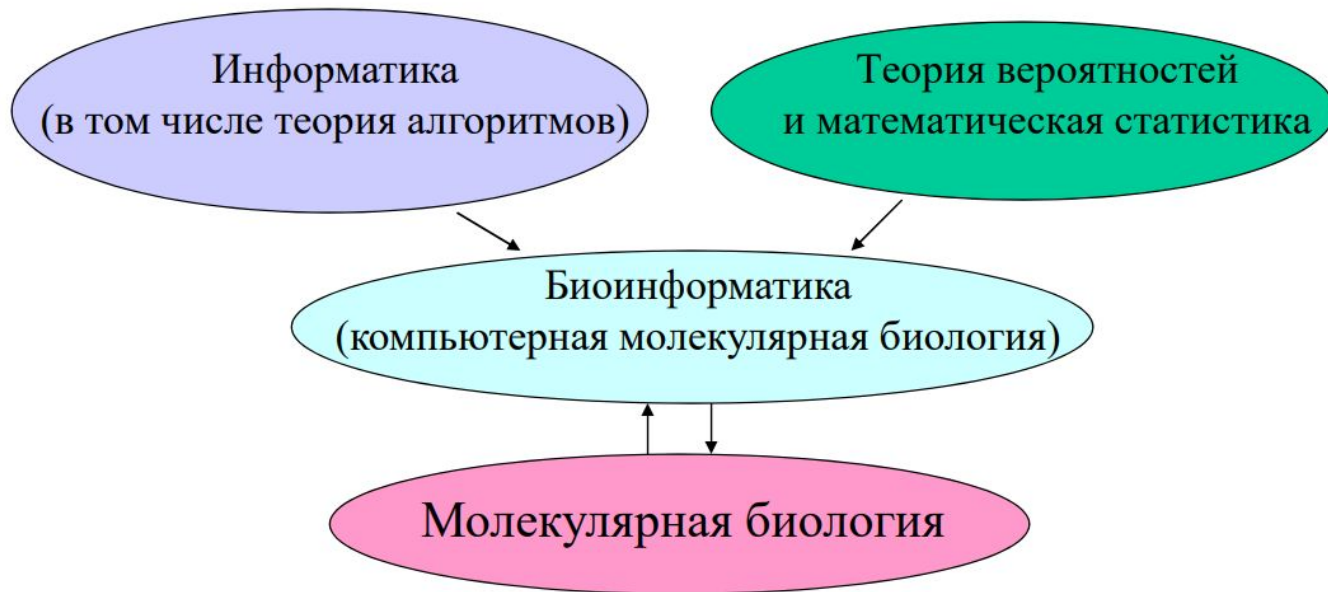
Анализ патогенов: Секвенирование и анализ геномов патогенов для быстрого выявления новых штаммов и мутаций.

БИОИНФОРМАТИКА -

это наука, занимающаяся анализом экспериментальных данных молекулярной биологии: секвенированных последовательностей биополимеров, экспериментально определенных пространственных структур биологических макромолекул, данных об экспрессии генов и т.д. Методами биоинформатики являются методы организации информации, широко понимаемые компьютерные методы, методы вычислительной математики и статистики. (М.С. Гельфанд et al)

Европейский Биоинформационный Институт: биоинформатика – это применение компьютерных технологий для администрирования и анализа биологических данных.

СВЯЗИ С ДРУГИМИ ДИСЦИПЛИНАМИ



ОБЪЕКТЫ БИОИНФОРМАТИКИ

ОСНОВНЫЕ ОБЪЕКТЫ
ИССЛЕДОВАНИЯ

- Последовательности
нуклеиновых кислот
 - Последовательности
белков
 - Пространственные
структуры
макромалекул
-

ИСТОРИЯ БИОИНФОРМАТИКИ

РАЗВИТИЕ СТАТИСТИКИ КАК МАТЕМАТИЧЕСКОЙ ДИСЦИПЛИНЫ



Роналд Эйлмер Фишер

ПРИМЕНИЛ СТАТИСТИЧ. МЕТОДЫ В ПОПУЛЯЦИОННОЙ ГЕНЕТИКЕ.

В 1930 СФОРМУЛИРОВАЛ И МАТЕМАТИЧЕСКИ ОБОСНОВАЛ Т. Н. ФУНДАМ. ТЕОРЕМУ ЕСТЕСТВ. ОТБОРА, НОСЯЩУЮ ЕГО ИМЯ: СКОРОСТЬ УВЕЛИЧЕНИЯ ПРИСПОСОБЛЕННОСТИ К.-Л. ПОПУЛЯЦИИ В ЛЮБОЙ ОТРЕЗОК ВРЕМЕНИ РАВНА ЕЁ ГЕНЕТИЧ. ИЗМЕНЧИВОСТИ ПО ПРИСПОСОБЛЕННОСТИ В ЭТО ЖЕ ВРЕМЯ. ВВЕЛ ОСН. ПОНЯТИЯ ГЕНЕТИКИ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ.

РЕВОЛЮЦИОННЫЙ МОМЕНТ ДЛЯ БИОИНФОРМАТИКИ - ПОЯВЛЕНИЕ АЛАНА ТЬЮРИНГА



Алан Мэйтисон Тьюринг

В 1952 году Тьюринг опубликовал работу под названием «Химические основы морфогенеза», где математически описывается процесс самоорганизации материи.

Морфогенез (англ. morphogenesis ← др. -греч. μορφή «форма» + γένεσις «возникновение»: буквально «формообразование») — возникновение и развитие органов, систем и частей тела организмов как в индивидуальном (онтогенез), так и в историческом, или эволюционном, развитии (филогенез).



В 1970 году Полина Хогевег ввела термин «биоинформатика», определив его как изучение информационных процессов в биотических системах.

https://en.wikipedia.org/wiki/Paulien_Hogeweg

МЕТОД СРАВНЕНИЯ ОБЪЕКТОВ С ЭТАЛОНОМ

Стандартным подходом к решению ряда биологических проблем является метод сравнения объектов с эталоном. Эта система была предложена **Нидельманом-Вуншем, создавшим алгоритм сравнения аминокислотных и нуклеотидных последовательностей в 1970 году.**

Это было одно из первых применений динамического программирования для сравнения биологических последовательностей.

Needleman-Wunsch

match = 1 mismatch = -1 gap = -1

		G	C	A	T	G	C	G
	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7
G	-1	1	0	-1	-2	-3	-4	-5
A	-2	0	0	1	0	-1	-2	-3
T	-3	-1	-1	0	2	1	0	-1
T	-4	-2	-2	-1	1	1	0	-1
A	-5	-3	-3	-1	0	0	0	-1
C	-6	-4	-2	-2	-1	-1	1	0
A	-7	-5	-3	-1	-2	-2	0	0

Сделать доклад на тему “Алгоритм Нидлмана–Вунша” на 17.09.2024

ДОПОЛНИТЕЛЬНОЕ ЗАДАНИЕ 🤔

Форма представления доклада:

Презентация

Время представления доклада: 10–20
минут

Обязательные пункты содержания:

1. Историческая справка
2. Описания алгоритма
3. Система подсчёта
4. Матрица подобия
5. Применение вне биоинформатики

Количество докладчиков: 1–2

ПРИНЦИПЫ МОЛЕКУЛЯРНОЙ БИОЛОГИИ И МАТЕМАТИКИ НАЧАЛИ АКТИВНО ИСПОЛЬЗОВАТЬ

1972 – впервые секвенирован полный ген

1977 – разработки программ узнавания ДНК-рестиктазами, создания алгоритмов перекодировки последовательностей ДНК и баз данных нуклеотидных последовательностей

1977 – опубликован метод секвенирования Сенгера

1983 – доказана прямая связь между онкогеном *v-sis* и ростом тромбоцитов



СЕКВЕНИРОВАНИЕ

это метод определения нуклеотидной последовательности ДНК и РНК. Тестирование используется для определения генетических повреждений (мутаций) в ДНК, которые являются причиной наследственных болезней, наследственных предрасположенностей или особенностей организма.

ГЕНОМ ЧЕЛОВЕКА

1990 – 2003

Проект «Геном человека» (Human Genome Project, HGP) был международным исследовательским проектом, целью которого было определение полной последовательности нуклеотидов в геноме человека и идентификация всех генов, содержащихся в нём.

1000 ГЕНОМОВ

2008 – 2015

Проект «1000 геномов» был направлен на создание наиболее детального и масштабного каталога генетической вариативности среди людей.

ЭНЦИКЛОПЕДИЯ ЭЛЕМЕНТОВ ДНК

2003 – настоящее время

Проект ENCODE
(Encyclopedia of DNA
Elements) был запущен с
целью идентификации всех
функциональных элементов в
человеческом геноме.

НАПРАВЛЕНИЯ БИОИНФОРМАТИКИ

В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ИССЛЕДУЕМЫХ ОБЪЕКТОВ

- БИОИНФОРМАТИКА ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ
- СТРУКТУРНАЯ БИОИНФОРМАТИКА
- КОМПЬЮТЕРНАЯ ГЕНОМИКА
- ВЫЧИСЛИТЕЛЬНАЯ ЭВОЛЮЦИОННАЯ БИОЛОГИЯ

В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ТИПА РЕШАЕМЫХ ЗАДАЧ

- ПРИМЕНЕНИЕ ИЗВЕСТНЫХ МЕТОДОВ АНАЛИЗА ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ НОВЫХ БИОЛОГИЧЕСКИХ ЗНАНИЙ
- РАЗРАБОТКА НОВЫХ МЕТОДОВ АНАЛИЗА БИОЛОГИЧЕСКИХ ЗНАНИЙ
- РАЗРАБОТКА НОВЫХ БАЗ ДАННЫХ

ОСНОВНЫЕ ЗАДАЧИ :

- ВЫРАВНИВАНИЕ И ОПРЕДЕЛЕНИЕ СХОДСТВ ДВУХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ
- ПОСТРОЕНИЕ МНОЖЕСТВЕННЫХ ВЫРАВНИВАНИЙ
- РАСПОЗНАВАНИЕ ГЕНОВ
- ПРЕДСКАЗАНИЕ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ ДВУХ БЕЛКОВ
- ПРЕДСКАЗАНИЕ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК

БИОИНФОРМАТИКА ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

ОСНОВНЫЕ ЗАДАЧИ :

- ПРЕДСКАЗАНИЕ ГЕНОВ В ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯХ
- ПРЕДВАРИТЕЛЬНАЯ АННОТАЦИЯ БЕЛКОВЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ
- СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ
- ИССЛЕДОВАНИЕ РЕГУЛЯЦИИ РАБОТЫ ГЕНОВ
- ПОИСК “ПРОПУЩЕННЫХ” ГЕНОВ
- ИССЛЕДОВАНИЕ ТРАСПОРТЁРОВ

КОМПЬЮТЕРНАЯ ГЕНОМИКА

ОСНОВНЫЕ ЗАДАЧИ :

- ПРЕДСКАЗАНИЕ И ФОЛДИНГ ИЗВЕСТНЫХ СТРУКТУР БЕЛКОВ
- СИМУЛЯЦИЯ ПОВЕДЕНИЯ БЕЛКОВ
- СИМУЛЯЦИИ БОЛЬШИХ БИОЛОГИЧЕСКИХ ОБЪЕКТОВ

СТРУКТУРНАЯ БИОИНФОРМАТИКА

ОСНОВНЫЕ ЗАДАЧИ :

- ИЗУЧЕНИЕ ЭВОЛЮЦИИ ОРГАНИЗМОВ
- СРАВНЕНИЕ ГЕНОМОВ
- ПОСТРОЕНИЕ МАТЕМАТИЧЕСКИХ МОДЕЛЕЙ
- ПОСТРОЕНИЕ СИСТЕМЫ ОТСЛЕЖИВАНИЯ И АНАЛИЗА ПУБЛИКАЦИЙ О ГЕНЕТИЧЕСКИХ ОСОБЕННОСТЯХ БОЛЬШОГО ЧИСЛА ВИДОВ

ВЫЧИСЛИТЕЛЬНАЯ
ЭВОЛЮЦИОННАЯ
БИОЛОГИЯ

ДНК И ГЕНОМ

ДНК

ЭТО ДЛИННАЯ СПИРАЛЕВИДНАЯ МОЛЕКУЛА, СОСТОЯЩАЯ ИЗ ДВУХ ЦЕПОЧЕК **НУКЛЕОТИДОВ**. В НЕЙ ХРАНИТСЯ ИНФОРМАЦИЯ О СТРОЕНИИ И ОСОБЕННОСТЯХ ОРГАНИЗМА



НУКЛЕОТИДЫ – это группа органических соединений, представляют собой фосфорные эфиры нуклеозидов.

Нуклеотиды в ДНК соединяются друг с другом попарно : А – Т, Г – Ц

- 3,2 МИЛЛИАРДА НУКЛЕОТИДОВ
 - 4 ВИДА НУКЛЕОТИДОВ
 - 46 МОЛЕКУЛ ДНК
- 1 ХРОМОСОМА - 1 МОЛЕКУЛА ДНК
 - 23 ПАРЫ ХРОМОСОМ

ГЕНОМ -

ЭТО ВСЕ НАСЛЕДСТВЕННЫЙ МАТЕРИАЛ КОТОРЫЙ ЕСТЬ В КЛЕТКЕ.
ПОЛНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ ДНК

ГЕН -

ЭТО УЧАСТОК ДНК, КОТОРЫЙ ОПРЕДЕЛЯЕТ ОДИН НАСЛЕДСТВЕННЫЙ
ПРИЗНАК ОРГАНИЗМА

РНК -

ЭТО МАКРОМОЛЕКУЛА, КОТОРАЯ ИГРАЕТ ВАЖНУЮ РОЛЬ В
КОДИРОВАНИИ, ПРОЧТЕНИИ, РЕГУЛЯЦИИ И ВЫРАЖЕНИИ ГЕНОВ

СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ

ПРИСТУПАЕМ В ЛАБОРАТОРНОЙ №1

ЗАДАНИЕ В ГРУППАХ (3-4 ЧЕЛОВЕКА)

Сделать презентацию на тему “Методы Секвенирования”

Содержание: Что такое секвенирование? В чём суть метода? Области применения метода. Плюсы и минусы метода? История создания метода.

В каких странах и учреждениях применяется

Время выступления : 7 (рекомендовано), 12 (максимум)

Количество слайдов : не ограничено

Оформление приветствуется :)

<https://docs.google.com/document/d/1eDENhLoumzNFUHXreQMDkDu6IThlmSbykXVJ3gp1qyU/edit?usp=sharing>