

## Домашнее задание 0.2

### Новости биоинформатики

Выполнила Погибельная Ольга, студентка гр. 21216

#### 1 новость:

[New technique for predicting protein dynamics may prove big breakthrough for drug discovery | Brown University](#) (27 марта 2024 г)

Команда исследователей из Университета Брауна разработала новый метод на основе искусственного интеллекта для быстрого и экономически эффективного прогнозирования нескольких конфигураций белков, чтобы лучше понять их динамику и функции. Они усовершенствовали уже существующий метод AlphaFold2, у которого было следующее ограничение: моделировать белки можно только в статическом состоянии в определенный момент времени. Автор исследования сказал: «Чтобы сопоставить белковые мишени с препаратами для лечения рака и других заболеваний, нам нужно более точное понимание этих физиологических изменений. Нам нужно выйти за рамки трехмерных форм и понять четырехмерные формы, где четвертым измерением является время. Вот что мы сделали с этим подходом».

#### 2 новость:

[Exploring Microbial Dark Matter | The Scientist Magazine®](#) (19 апреля 2024 г)

Исследователи разработали инструмент масс-спектрометрического поиска микробов (microbeMASST) - открытый поисковой движок, который обнаруживает сотни микробных метаболитов (химических соединений, производимых микроорганизмами) за один раз путем сравнения образцов с общедоступными данными. Микробные метаболиты играют важную роль в различных экосистемах и могут оказывать влияние на здоровье человека, что делает их потенциальными кандидатами для разработки новых лекарственных препаратов. До появления этого инструмента их исследование было трудоёмким процессом, теперь же учёные могут глубже погружаться в «тёмную материю» микробиологии.

#### 3 новость:

[The Largest Whole-genome Sequencing Study in Cancer | The Scientist Magazine®](#) (17 апреля 2024 г)

Статья описывает масштабное исследование, в рамках которого было секвенировано 13,880 опухолей. Это исследование выявило важные соматические (связанные с опухолью) и наследственные мутации, которые могут повлиять на лечение пациентов и их прогнозы. Исследование позволяет глубже понять генетическое разнообразие раковых клеток, что открывает новые возможности для таргетной терапии и улучшения персонализированной медицины. Определение конкретных мутаций, которые провоцируют рак, помогает ученым разрабатывать более точные методы лечения для каждого пациента.