

Выездной семинар по системной биологии | 16-21 мая 2016

В пригороде Санкт-Петербурга в окружении пятидесяти гектаров реликтового леса и Суходольского озера завершился третий по счету [семинар по системной биологии](#), в котором приняли участие молодые ученые биологи, медики и программисты. [Двадцать четыре участника](#) собрались из самых разных уголков России: Воронежа, Казани, Красноярска, Москвы, Пущино, Санкт-Петербурга, Томска, Уфы — и даже из Вашингтона, США.



Центральной темой семинара стал путь от обработки экспериментальных «омных» данных к решению конкретных биологических задач. Обучение было разбито на четыре модуля — высокопроизводительное секвенирование (NGS) в медицине и геномных исследованиях человека, транскриптомное секвенирование (RNA-seq), использование NGS для изучения геномной регуляции (ChIP-seq) и интеграцию метаболомных данных с данными секвенирования.

Лекции сменялись практическими занятиями, которые проводились на облачных серверах Amazon. В каждом модуле участники полностью проходили путь от набора фрагментов ДНК (ридов) до биологической интерпретации полученных результатов.

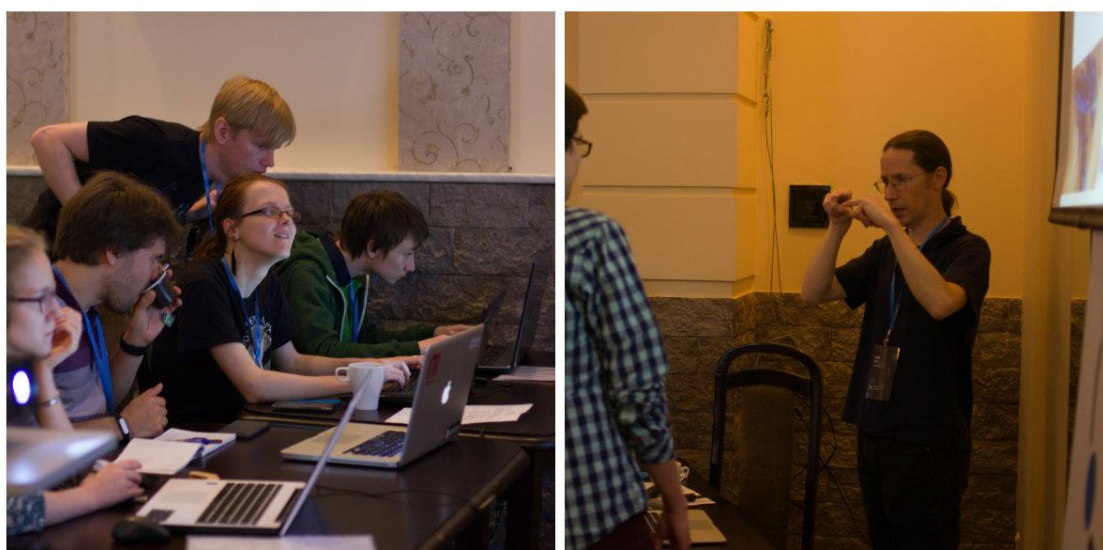


Также на семинаре была рассмотрена история развития высокопроизводительного секвенирования на примере проекта «Геном человека». Ряд неформальных лекций и обсуждений был посвящен современному положению дел в системной биологии и генетике.



Лекции и практики проводили: Максим Артемов, Washington University in St. Louis, Александр Предеус, Институт биоинформатики, Санкт-Петербург, Никита Артемов, Harvard University, Massachusetts General Hospital, Broad Institute, Алексей Сергушичев, Университет ИТМО.

Приглашенным гостем на семинаре был Марк Дейли, один из основателей и центральных фигур в современной статистической генетике. В своей лекции он рассказал о проектах по поиску генетических факторов сложных заболеваний, таких как шизофрения и воспалительные заболевания кишечника. На примере этих проектов Марк продемонстрировал современное состояние науки в области анализа мутаций и их связи с заболеваниями, а также исторический взгляд на подобные исследования.



Семинар прошёл в уютном загородном отеле около озера, что позволило участникам максимально вовлечься в образовательный процесс, а также ближе познакомиться с лекторами и друг с другом.



«Формат выездного семинара привлекателен и эффективен, способствует полному погружению в тему и интересному общению. Также наличие природы и животных помогает переключаться от занятий и быстрее восстанавливаться», — прокомментировал атмосферу семинара один из его участников.

Выездной семинар был организован Институтом биоинформатики и Университетом ИТМО при поддержке Washington University in St. Louis, партнерами выступили компании: [JetBrains](#), [Parseq Lab](#), [World Quant](#), [Helicon](#) и [ThermoFisher](#).

[Институт биоинформатики](#) и [Университет ИТМО](#) ежегодно проводят в Санкт-Петербурге семинар по системной биологии с участием приглашенных лекторов из Washington University in St. Louis и Harvard University.

Семинар состоит из нескольких теоретических лекций в сопровождении практических модулей, в которых участники смогут пройти полный путь по биоинформатической обработке и анализу полно-геномных экспериментов, а также обсудить биологические следствия полученных результатов.