

**РАЗВИТИЕ ОБРАЗОВАНИЯ В БИОИНФОРМАТИКЕ
ПО МАТЕРИАЛАМ, ПРЕДСТАВЛЕННЫМ НА СТУДЕНЧЕСКИХ КОНФЕРЕНЦИЯХ
МНСК-2018, ШКОЛЕ МОЛЕКУЛЯРНОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ
И ХАКАТОНЕ В НОВОСИБИРСКЕ**

Рубрика «Биоинформатика» содержит материалы, представленные на студенческих конференциях и учебных мероприятиях по биоинформатике в Новосибирске в 2018 г. Прежде всего отметим серию международных молодежных научных Школ «Системная биология и биоинформатика» / «Systems Biology and Bioinformatics (SBB)», организованных Институтом цитологии и генетики СО РАН (академик Н. А. Колчанов) в Новосибирске уже в 10-й раз в 2018 г.¹ Школа SBB-2018 завершила свою работу в августе 2018 г. после международной конференции по биоинформатике и системной биологии BGRS/SB-2018, проходящей в Новосибирске каждые два года с 1998, уже в 11-й раз, в этом году впервые совместно на базе ИЦиГ СО РАН и НГУ. Кроме междисциплинарных научных исследований отметим интерес к вопросам образования, преподавания, студенческих научных обменов, чему была посвящена отдельная секция конференции по образованию в области биоинформатики 23 августа 2018 г. (Н. А. Колчанов, А. Г. Окунев, Д. А. Афонников). Студенческие работы по биоинформатике, особенно выполненные в больших коллективах, становятся все более профессиональными, из года в год повышая требования к студенческим дипломам и аспирантским диссертациям.

Ежегодная Международная научная студенческая конференция (МНСК), проводимая Новосибирским государственным университетом, имеет давнюю историю – в этом году она была 56-й². На секции биоинформатики (в форме отдельной секции и конкурса) были представлены научные доклады студентов и аспирантов на стыке информатики, математики и биологии. В последние годы отмечается рост числа докладов по биоинформатике, обсуждаемых на МНСК, растет и качество работ – научный уровень, наличие собственных публикаций, процитированных в работах студентов, повышается степень программной реализации представленных алгоритмов биоинформатики. Ряд студенческих работ, представленных в данной рубрике, посвящен разработке программного обеспечения для анализа геномных и транскриптомных данных, компьютерному моделированию структуры биологических макромолекул, разработке баз данных и веб-интерфейсов.

Отметим, что параллельно с классическими формами студенческих конференций – обучающих обзорных лекций и докладов самих студентов, появляются новые форматы, связанные с практическими занятиями, программированием, решением задач за короткое время в командах студентов, такие как хакатоны. Хакатоны по биоинформатике проводятся в НГУ уже второй раз, инициированные Лабораторией молекулярной динамики биополимеров (канд. биол. наук А. В. Бакулина) при поддержке САЕ «Синтетическая биология» (Д. О. Жарков, Ю. Л. Орлов). Хакатоны ассоциированы со Школами по молекулярной динамике.

Рассмотрим основные направления работ, представленные на Школе молодых ученых «Компьютерное моделирование структуры и динамики биомолекул» и Хакатоне-2018, прошедшем в НГУ и Технопарке Академгородка 28 апреля – 1 мая 2018 г. Рассматривались задачи геномики, моделирования структуры белка для задач фармацевтики и биотехнологии, задачи анализа биоизображений.

С пленарным докладом «Молекулярное моделирование в медицинской химии» на Школе выступил Д. С. Баев. Затем был проведен Практикум по молекулярному докингу с использованием программы AutoDock Vina. В рамках Школы были организованы секции «Разработка

¹ <http://conf.bionet.nsc.ru/sbb2018/>.

² <https://issc.nsu.ru/>.

новых биологически активных соединений», «Молекулярная динамика», «Анализ структуры белков» и «Визуализация результатов научных исследований». Каждая секция открывалась лекцией приглашенного специалиста по соответствующей тематике: «Расчет свободной энергии с помощью молекулярной динамики» (А. В. Ким), «Умные и красивые модели в Blender 3D» (З. В. Радькова).

В рамках Школы прошли практикумы: мастер-класс по расчету свойств белка с использованием данных ЯМР (С. С. Марьясина, И. М. Пищенко, Г. Ю. Лаптев), практикум по программе Blender.

Студенты представили свои работы на секциях Школы короткими докладами. Практические направления разработки приложений студентами и молодыми учеными продолжают развиваться, в том числе в сотрудничестве с коммерческими компаниями, такими как UGene.

В целом представляемая рубрика журнала представляет срез работ по приложениям информационных технологий в технических и биоинформационных задачах.

Благодарности. Авторы благодарны Н. А. Колчанову, Д. А. Афонникову, Д. О. Жаркову за организационную поддержку учебных мероприятий. Организация и проведение Школы и Хакатона по биоинформатике были поддержаны НГУ (программа «Топ 5-100») и грантом Министерства образования и науки РФ (28.12487.2018/12.1).

Ю. Л. Орлов, А. Ю. Бакулина

Новосибирский государственный университет
orlov@bionet.nsc.ru, bakulina@nsu.ru