



Научная группа займется изучением механизма формирования органов, чтобы в будущем уметь выращивать искусственные органы в пробирке в соответствии с параметрами, необходимыми для конкретного пациента.



Сергей В. Нуждин, научный руководитель лаборатории, профессор Университета Южной Калифорнии

Коллективом созданы и активно используются научной общественностью пакеты ProStack (<http://urchin.spbcas.ru/downloads/ProStack/ProStack.htm>) и BREReA (<http://urchin.spbcas.ru/downloads/BREReA/BREReA.htm>) по обработке изображений и извлечению из них количественной информации (Kozlov et al., 2009), а также эффективный метод подгонки решений модели к данным, основанный на методе случайного поиска – дифференциальная эволюция (Kozlov et al., 2011).

Созданный авторами проекта пространственно-временной атлас экспрессии генов сегментации FlyEx (<http://urchin.spbcas.ru/flyex>) (Pisarev et al., 2009) содержит количественную информацию об экспрессии генов сегментации в течение 1.5 часов развития эмбриона дрозофилы с интервалом в 6.5 минут развития. Важность и уникальность этой информации отмечены на веб-сайте ключевых статей “Faculty of 1000” <http://www.f1000biology.com/article/id/1102066>.

Описание лаборатории:

Как описать развитие органов, используя модели внутриклеточных молекулярных процессов? Пока мы этого не умеем, что затрудняет выращивание искусственных органов в пробирке в соответствии с параметрами, необходимыми для индивидуального пациента. Для разработки концептуальных основ таких исследований на кафедре Прикладной математики института Прикладной математики и механики СПбГУ в рамках реализации программы 5-100-2020 создана новая лаборатория «Системная биология и биоинформатика», которую возглавил профессор Университета Южной Калифорнии (Лос Анджелес, США) Сергей Нуждин.

Профессор Нуждин, автор более ста выдающихся работ в интердисциплинарных областях системной и молекулярной биологии, а также популяционной и количественной генетики, широко известен как создатель научной школы по вопросам молекулярной биологии. Десятки учеников профессора Нуждина работают в лучших университетах Америки и Европы. Профессор Нуждин изучает фундаментальные проблемы эволюции с использованием точных методов вычислительной математики и молекулярной биологии и руководит многими проектами, поддержанными Институтом здоровья США и Национальным научным фондом.

К работе лаборатории привлечены еще три профессора Университета Южной Калифорнии - Скотт Фрэйджер, Мэт Дин и Пол Маржорэм, а также группа сотрудников СПбГУ, возглавляемая профессором Марией Самсоновой. Американский биолог Скотт Фрейджер (http://en.wikipedia.org/wiki/Scott_E._Fraser) получил мировую известность благодаря разработке методов и технологии для визуального наблюдения клеточных процессов. Основные области научных интересов Пола Маржорэма - биоинформатика и

вычислительная биология. Мэтью Дин руководит лабораторией Молекулярной и вычислительной биологии в Университете Южной Калифорнии. Профессор Мария Самсонова возглавляет одну из сильнейших групп, работающих в области системной биологии в России, и недавно создала магистерскую программу по биоинформатике и системной биологии на кафедре Прикладной математики СПбГПУ.

Формирование органа у млекопитающих - это сложный процесс, который требует согласованной работы генных сетей, чтобы скоординировать разметку тканей (паттернинг), рост и морфогенез. Программа исследований и подготовки научных кадров лаборатории будет нацелена на использование системной биологии для изучения механизмов формирования копулятивных органов у модельного организма – плодовой мушки дрозофилы и тем самым, будет способствовать проведению исследований на переднем крае науки и подготовке высоко востребованных молодых ученых.

Будут созданы динамические математические модели, описывающие движения клеток и поведение генов в генных сетях с помощью сенсоров состояния. Напомним, что десятки сенсоров обычного автомобиля снимают информацию о его функционировании и сигнализируют, когда необходимо вмешательство. В работе будет использован аналогичный набор датчиков, который будет информировать исследователя о точном количественном состоянии компонент генных регуляторных сетей в развивающемся органе. Пометив несколько компонент генной регуляторной сети различными метками, мы сможем наглядно увидеть многие детали ее работы с помощью методов генной инженерии и получения экспериментальных изображений. Преобразование информации из таких изображений в знание о механизмах работы генной регуляторной сети требует интеграции данных о клеточных взаимодействиях, данных об активности генов у большого количества мушек и данных полногеномного анализа для поиска новых генов. Эти задачи очень похожи на реверс-инжиниринг, когда схема системы должна быть определена по наблюдениям за ее работой и на основании анализа отказов при возмущениях.

Результатом деятельности лаборатории будет разработка мощного инструментария для современных врачей-исследователей. Работа лаборатории послужит основой долгосрочного сотрудничества между российскими и американскими университетами, а для начала ежегодно американские преподаватели будут читать 3-4-недельные курсы студентам и аспирантам СПбГПУ.

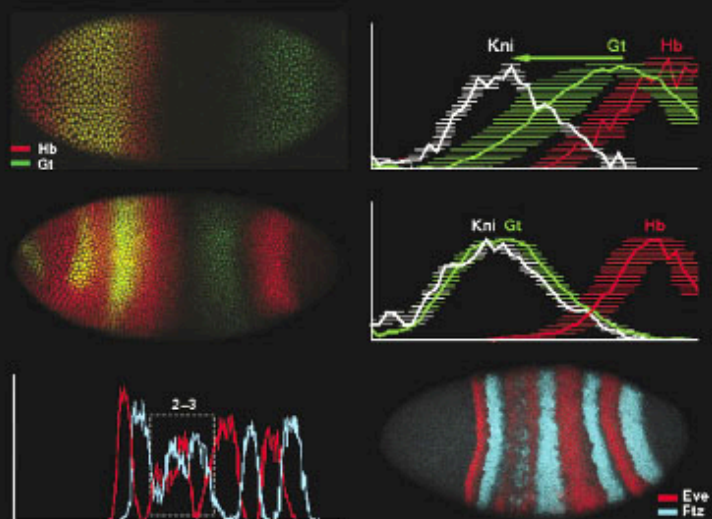
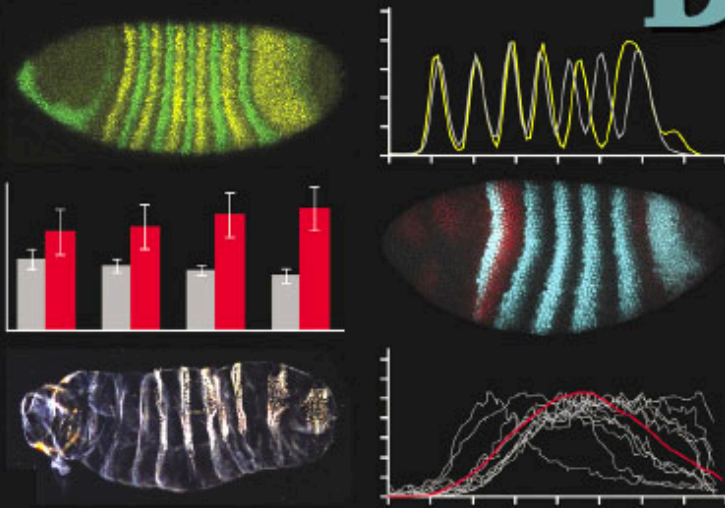
История успеха и научный задел коллектива:

Изображения и данные по экспрессии генов сегментации дрозофилы, полученные сотрудниками лаборатории, на обложках ведущих международных журналов.



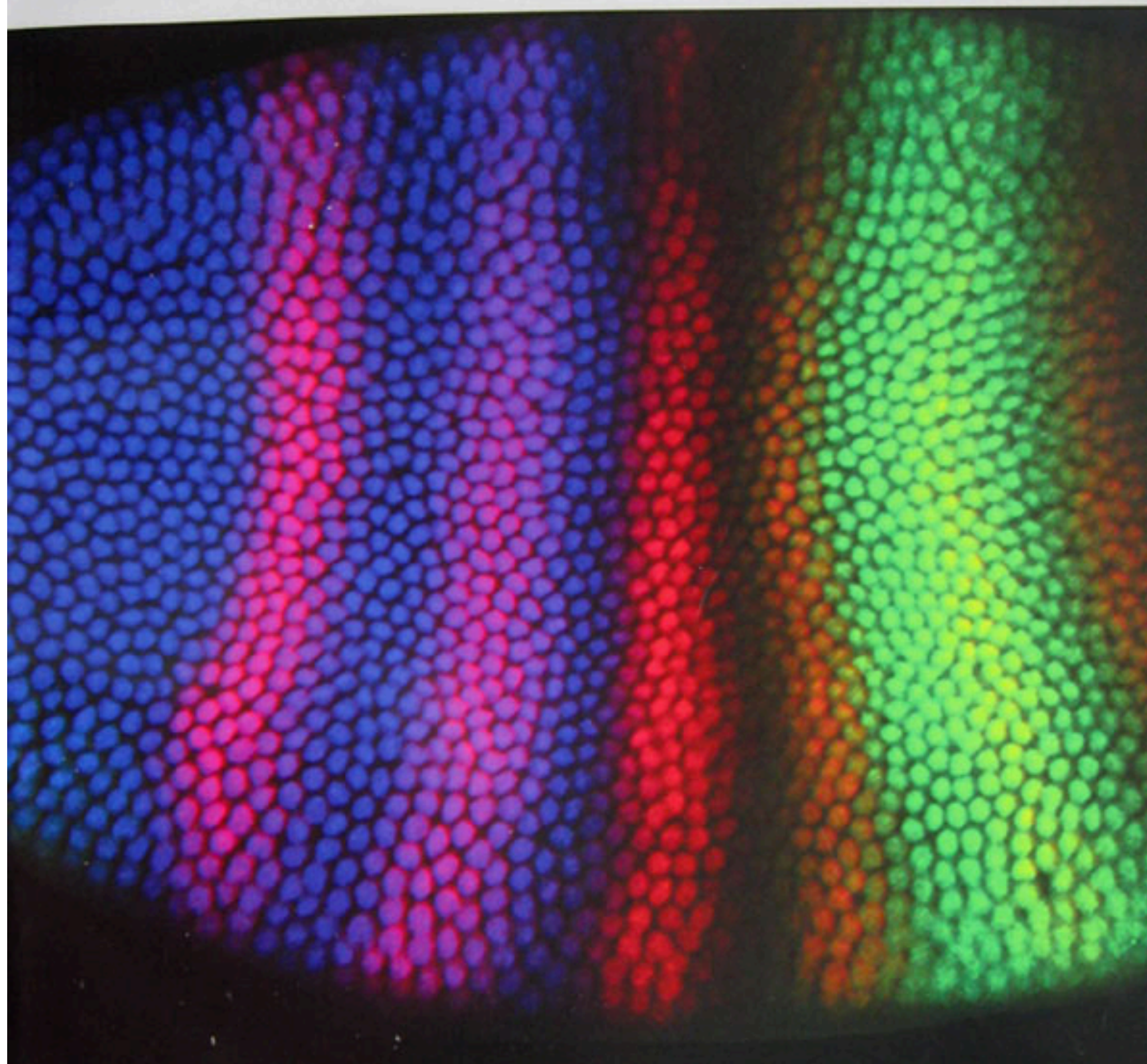
ISSN 0012-1606
Volume 377, Issue 1, May 1, 2013

DEVELOPMENTAL BIOLOGY



Fly

Volume 2 • Issue 2 • March/April 2008



LANDES
BIOSCIENCE

- 67 Curable *GAL4* Transgene Instability
- 74 The *Msp-300* KASH Domain is Not Required for Oogenesis
- 82 KASH and SUN Proteins are Not Essential for Oogenesis

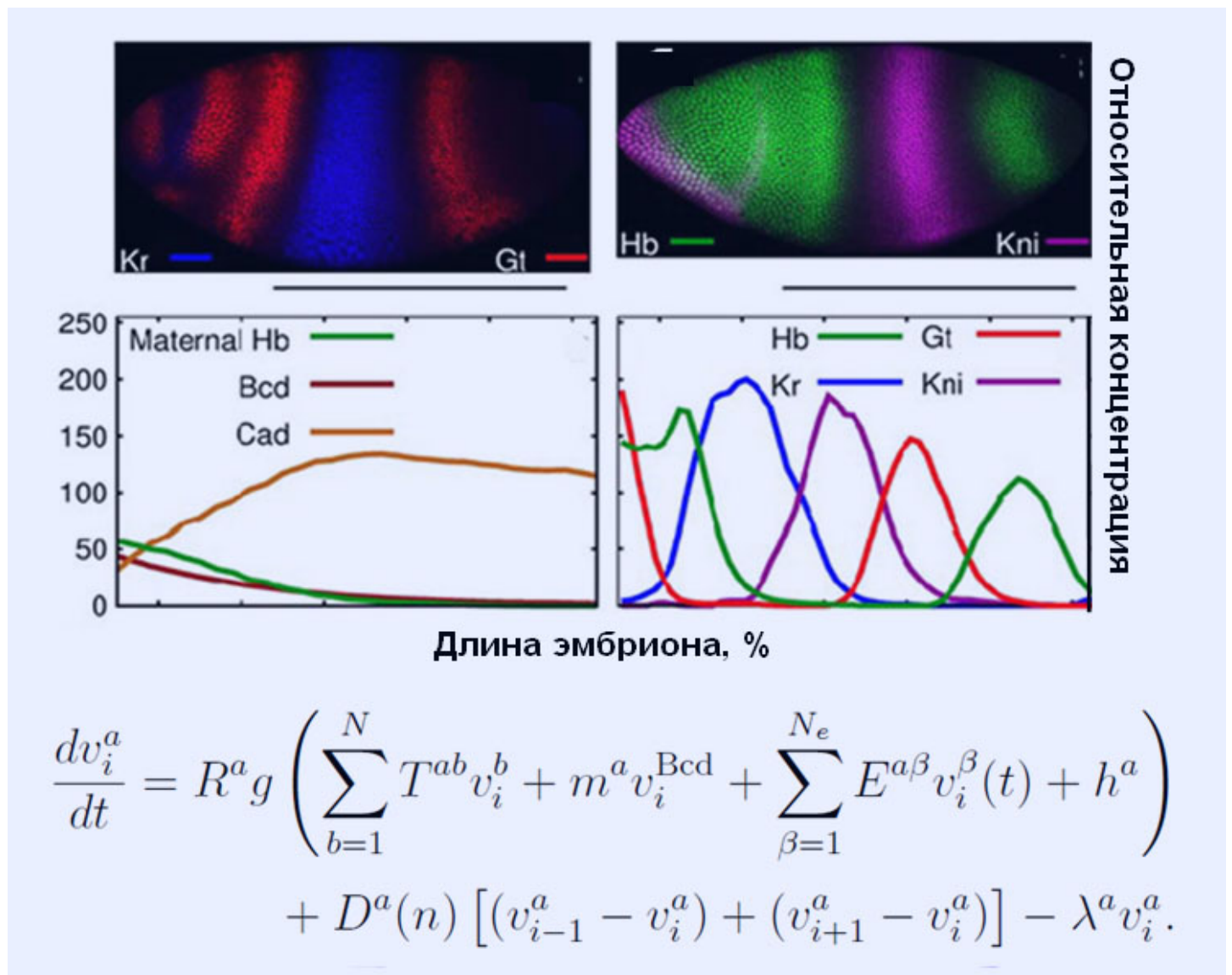


ISSN 0012-1606
This Number Completes Volume 313
Volume 313, Number 2, January 15, 2008

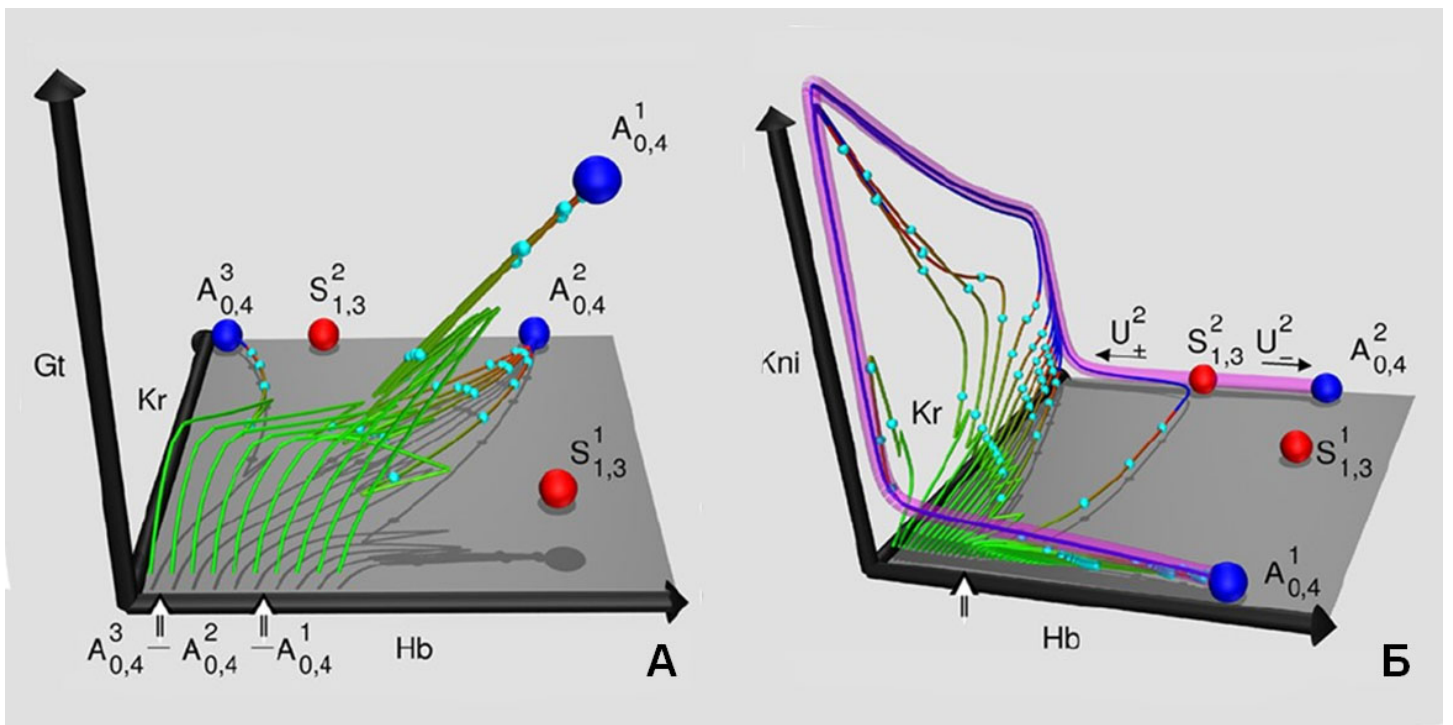
DEVELOPMENTAL BIOLOGY

Genomes & Developmental
Control Section

Результаты математического моделирования динамики экспрессии генов в генной сети, контролирующей план строения тела дрозофилы, опубликованы в журналах Nature (Jaeger et al. (2004) 430: 368-371) и Nature Genetics (Janssens et al. (2006) 38, 10, 1159-1165) и отмечены как особо важные (N. Monk (2004) Current Biology 14:R705-707).



Анализ системы генов сегментации как динамической системы, (Manu et al. (2009) PLoS Biology, 7, 3, e1000049; Manu et al. (2009) PLoS Comp. Biol. 5, 3, e1000303; Gursky et al. (2011) BMC Syst. Biol., 5:118), позволяет рассматривать уменьшение варибельности экспрессии генов как результат действия аттракторов в фазовом пространстве концентраций генных продуктов. Важность полученных результатов отмечена в разделе “Важные статьи” журнала Nature Reviews Genetics (2009), 10: doi:10.1038/nrg2580



Контакты:

urchin.spbcas.ru
 snuzhdin@usc.edu
 samson@spbcas.ru