**КАК ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ РЕШАЮТ ПРОБЛЕМЫ АНТРОПОГЕНЕЗА И ПОМОГЛИ ПОЛУЧИТЬ НОБЕЛЕВСКУЮ ПРЕМИЮ ПО ФИЗИОЛОГИИ/ИЛИ МЕДИЦИНЕ 2022 ГОДА**

**Лупанова Дарья 9 ФМ,** **dariucciaequii@mail.ru****; Чурикова Анна 9ФМ,** **ann.churikova.08@mail.ru****; МАОУ «Лицей города Троицка»**

**Балденков Г.Н., учитель биологии, руководитель Научного общества Лицея, МАОУ «Лицей города Троицка»,** **gbaldenkov@gmail.com**

3. Профильные площадки для педагогов, применяющих информационные технологии в образовательном процессе.

Направление. Подготовка инженеров будущего – биоинформатиков.

В прошедшем учебном году нами был подготовлен научно-познавательный проект «Что такое палеогенетика? Почему Нобелевская премия по физиологии и/или медицине 2022 года была присуждена за достижения в этой новой науке?». Свой проект мы представили на XIX Нобелевской конференции Лицея, которая имеет статус городского мероприятия.

Мы познакомились с результатами работы группы Сванте Паабо, удостоенных Нобелевской премии в 2022 году. Эта работа впечатляет своей новизной и объемом проведенных исследований. Материалы исследований были получены в течение более 20 лет.

Работа для нас над проектом была интересной не только благодаря научной новизне и уникальности полученных результатов, но и благодаря знакомству с информационно-технологическими методами исследований в биомедицинском направлении.

Основными научными результатами работы, которые были удостоены Нобелевской премии, мы рассмотрели в проекте, это:

* публикация полного генома неандертальца (ДНК ядра);
* публикация митохондриальных геномов разных групп неандертальцев;
* сравнение геномов кроманьонцев, современных людей, неандертальцев разных групп и денисовских людей. Исследование миксии между этими группами;
* открытие нового вида Человека денисовского, занимающего более раннее место, чем неандертальцы, но жившего с ними в одно время;
* обнаружение генов неандертальцев в популяциях европейских кроманьонцев и современных людей, но при этом отсутствие генов неандертальцев у африканских групп;
* обнаружение генов денисовцев у восточноазиатских и полинезийских народов.

Такую объёмную работу невозможно было бы провести без использования новых технологий. Поэтому в своей проектной работе мы специально обратили внимание на новейшие методы и технологии, включающие физические и химические методы подготовки образцов для молекулярно-биологических и генетических исследований и последующий анализ результатов при помощи информационных технологий.

Исследователи группы Сванте Паабо получили и проанализировали от сотен тысяч до миллиарда нуклеотидных последовательностей различного биологического происхождения. Были сравнены сотни миллионов образцов ДНК на выявление сходства и отличий между палеонтологическими образцами и образцами ДНК современных людей разных народов и рас.

Естественно, провести такую работу без использования информационных технологий и современной вычислительной техники было невозможно. Необходимо было также адекватное программное обеспечение и базы данных для сравнения последовательностей нуклеиновых кислот.

Такое программное обеспечение и базы данных начали создавать в 70-80-е годы XX века, которые стали общедоступными в 90-е годы XX века. Таким образом, возникли новые научно-информационные направления как биоинформатика (1), геномика (2) и родственные им.

Мы решили познакомиться с этими направлениями и запросили информацию об этом в популярной энциклопедии – Википедии. Это было весьма познавательно и показательно, как происходит использование IT-технологий в биологии и медицине, в частности, в генетике. Использование IT-технологий в археологии и палеонтологии привело к появлению новых научных направлений, таких как палеогентика, основателем которого считают именно Сванте Паабо, получившего Нобелевскую премию в 2022 году.

Основной информационной базой данных о последовательностях нуклеотидов в генах и фрагментах нуклеиновых кислот является база GenBank (3).

«GenBank — база данных, находящаяся в открытом доступе, содержащая все аннотированные последовательности ДНК и РНК, а также последовательности закодированных в них белков. GenBank поддерживается Национальным центром биотехнологической информации США (NCBI), входящего в состав Национальных Институтов Здоровья в США, и доступен на бесплатной основе исследователям всего мира. GenBank получает и объединяет данные, полученные в разных лабораториях, для более чем 100 000 различных организмов».

Именно с этой базой работала группа Сванте Паабо, сравнивая полученные ими образцы молекул ДНК и РНК из археологических и палеонтологических материалов с известными последовательностями.

Получение неизвестных фрагментов ДНК и РНК представляло значительную сложность, и они могли содержать много примесей фрагментов нуклеиновых кислот различных организмов и вирусов.

Для получения искомых фрагментов молекул нуклеиновых кислот из археологического материала ученые использовали специальные методы экстракции, а для получения достаточного количества нуклеиновых кислот использовали модифицированные более эффективные методы ПЦР (полимеразной цепной реакции), с которыми мы также познакомились.

Сравнение полученных из исследуемого материала образцов нуклеиновых кислот проводили с известными последовательностями при использовании биоинформационной программы BLAST (4) и ее варианта BLASTN (blastn) (5).

«BLAST (англ. Basic Local Alignment Search Tool — средство поиска основного локального выравнивания) — семейство компьютерных программ, служащих для поиска сходных аминокислотных или нуклеотидных последовательностей. Используя BLAST, исследователь может сравнить имеющуюся у него последовательность с последовательностями из базы данных и найти предполагаемые гомологи. Является важнейшим инструментом для молекулярных биологов, биоинформатиков и систематиков».

«BLASTN - вариант BLAST; blastn — поиск относительно коротких последовательностей, обладающих незначительным сходством».

Сравнение проводится биоинформатическим методом «выравнивание последовательностей» (6) в различных вариантах.

«Выравнивание последовательностей — биоинформатический метод, основанный на размещении двух или более последовательностей мономеров ДНК, РНК или белков друг под другом таким образом, чтобы легко увидеть сходные участки в этих последовательностях. Сходство первичных структур двух молекул может отражать их функциональные, структурные или эволюционные взаимосвязи. Выровненные последовательности оснований нуклеотидов или аминокислот обычно представляются в виде строк матрицы».

Знакомство с работой группы Сванто Паабо, удостоенной Нобелевской премии 2022 года в области физиологии и медицины, привело нас к важному заключению, что данная работа и ее научные биологические выводы не смогли бы состояться без использования биоинформационных методов, основанных на современных IT-технологиях.

Благодаря информационным технологиям XXI века, таким как анализ Big data (7) появилась возможность анализировать большие объемы научной информации и обнаруживать скрытые закономерности во многих естественных и социальных науках. Так, например, возникла наука геномика, благодаря которой появились возможности сравнения геномов организмов, определения скрытых генетических заболеваний, или построение эволюционных древ развития жизни на Земле. Благодаря такому генетическому анализу появилась палеогенетика, эволюционная генетика и др.

К сожалению, в школьных программах и программах центров дополнительного образования для школьников по информатике, практически не знакомят с такими общими для экономики, бизнеса, статистики, естественных и гуманитарных наук, повседневной жизни IT-понятиями, как Big Data, искусственный интеллект и специальными информационными технологиями.

Нас очень впечатлили возможности биоинформационных технологий, с которыми мы познакомились в нашем проекте. Хотелось бы, чтобы на таких конференциях как «Современные информационные технологии в образовании» рассказывали бы о том, каким образом используют информационные технологии в различных областях науки и жизни.

Популяризация научных знаний и технологий, согласно плану проведения в России «Десятилетия науки и технологий», будет способствовать «привлечению талантливой молодежи в сферу исследований и разработок» и осуществлению других инициатив (8).

Информационные технологии это уникальный инструмент, который во многом определяет развитие современной науки, а не только определяет и формирует социальные предпочтения.

Источники информации

1. <https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%91%D0%B8%D0%BE%D0%B8%D0%BD%D1%84%D0%BE%D1%80%D0%BC%D0%B0%D1%82%D0%B8%D0%BA%D0%B0>

2. <https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%93%D0%B5%D0%BD%D0%BE%D0%BC%D0%B8%D0%BA%D0%B0>

3. <https://ru.wikipedia.org/wiki/GenBank>

4. <https://ru.wikipedia.org/wiki/BLAST>

5. <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

6. <https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%92%D1%8B%D1%80%D0%B0%D0%B2%D0%BD%D0%B8%D0%B2%D0%B0%D0%BD%D0%B8%D0%B5_%D0%BF%D0%BE%D1%81%D0%BB%D0%B5%D0%B4%D0%BE%D0%B2%D0%B0%D1%82%D0%B5%D0%BB%D1%8C%D0%BD%D0%BE%D1%81%D1%82%D0%B5%D0%B9>

7. <https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%91%D0%BE%D0%BB%D1%8C%D1%88%D0%B8%D0%B5_%D0%B4%D0%B0%D0%BD%D0%BD%D1%8B%D0%B5>

8. <https://xn--80aapamcavoccigmpc9ab4d0fkj.xn--p1ai/news/utverzhden-plan-provedeniya-v-rossii-desyatiletiya-nauki-i-tekhnologiy/>