

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
ИНСТИТУТ ПРОБЛЕМ ПЕРЕДАЧИ ИНФОРМАЦИИ им. А.А. ХАРКЕВИЧА

КОНФЕРЕНЦИЯ МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ И СПЕЦИАЛИСТОВ

Информационные технологии и системы

ИТиС'08

ПРОГРАММА КОНФЕРЕНЦИИ

г. Геленджик,
29 сентября – 3 октября 2008 г.

Информационные технологии и системы (ИТиС'08):
программа конференции. – М.: ИППИ РАН, 2008. – 34с.

Издание содержит программу конференции молодых ученых и специалистов «Информационные технологии и системы» (ИТиС'08), ежегодно организуемой Советом молодых ученых и специалистов ИППИ РАН. В 2008 году в организации конференции также принимали участие АНО «НИИ СИТРОНИКС» и ИПУ РАН.

Основная цель Конференции ИТиС'08 – дать возможность молодым ученым и специалистам различных подразделений ИППИ РАН, а также студентам, аспирантам и молодым ученым других институтов РАН, отраслевых институтов, университетов и вузов, познакомиться с коллегами и обменяться научными достижениями по основным для ИППИ РАН направлениям научной деятельности: теория передачи и защиты информации; математическая теория информации и управления, многокомпонентные случайные системы; информационно-коммуникационные технологии и их применение в сложных системах и сетях; информационные процессы в живых системах и биоинформатика; компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка.

Конференция проводится при финансовой поддержке ИППИ РАН, АНО «НИИ СИТРОНИКС», Отделения нанотехнологий и информационных технологий РАН, Целевой программы Президиума РАН «Поддержка молодых ученых 2008 г.» и РФФИ (грант 08-07-06047-г)



SITRONICS
научно-исследовательский институт ■



© Коллектив авторов, 2008

© Учреждение Российской академии наук

Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, 2008

Программа

Воскресенье, 28 сентября	
12:00 13:00	Заезд, регистрация участников конференции в холле корпуса №2
13:00 15:00	Обед
15:00 18:00	Заезд, регистрация участников конференции в холле корпуса №2
18:00 20:00	Ужин

Понедельник, 29 сентября					
8:00 10:00	Завтрак				
9:00 10:00	Регистрация участников конференции в холле корпуса №2				
10:00 11:45	Открытие конференции. Конференц-зал Приветственное слово директора ИППИ РАН член-корр. А.П. Кулешова Выступление директора АНО «НИИ Ситроникс» М.А. Харченко				
11:45 12:15	Кофе-пауза				
12:15 14:00	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 50%; text-align: center;">Сессия 1</th> <th style="width: 50%; text-align: center;">Сессия 2</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td style="text-align: center;"> Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 1 </td> <td style="text-align: center;"> Зал для заседаний Биоинформатика - 1 </td> </tr> </tbody> </table>	Сессия 1	Сессия 2	Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 1	Зал для заседаний Биоинформатика - 1
Сессия 1	Сессия 2				
Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 1	Зал для заседаний Биоинформатика - 1				
14:00 15:00	Обед				
15:00 16:45	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 50%; text-align: center;">Сессия 3</th> <th style="width: 50%; text-align: center;">Сессия 4</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td style="text-align: center;"> Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 2 </td> <td style="text-align: center;"> Зал для заседаний Биоинформатика - 2 </td> </tr> </tbody> </table>	Сессия 3	Сессия 4	Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 2	Зал для заседаний Биоинформатика - 2
Сессия 3	Сессия 4				
Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 2	Зал для заседаний Биоинформатика - 2				
16:45 17:15	Кофе-пауза				
17:15 19:00	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 50%; text-align: center;">Сессия 5</th> <th style="width: 50%; text-align: center;">Сессия 6</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td style="text-align: center;"> Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 3 </td> <td style="text-align: center;"> Зал для заседаний Биоинформатика - 3 </td> </tr> </tbody> </table>	Сессия 5	Сессия 6	Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 3	Зал для заседаний Биоинформатика - 3
Сессия 5	Сессия 6				
Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 3	Зал для заседаний Биоинформатика - 3				
19:00 20:00	Ужин				

Вторник, 30 сентября			
8:00 10:00	Завтрак		
10:00 11:45	<table border="1"> <tr> <td style="text-align: center;">Сессия 7 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 1</td> <td style="text-align: center;">Сессия 8 Зал для заседаний Компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка - 1</td> </tr> </table>	Сессия 7 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 1	Сессия 8 Зал для заседаний Компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка - 1
Сессия 7 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 1	Сессия 8 Зал для заседаний Компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка - 1		
11:45 12:15	Кофе-пауза		
12:15 14:00	<table border="1"> <tr> <td style="text-align: center;">Сессия 9 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 2</td> <td style="text-align: center;">Сессия 10 Зал для заседаний Компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка - 2</td> </tr> </table>	Сессия 9 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 2	Сессия 10 Зал для заседаний Компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка - 2
Сессия 9 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 2	Сессия 10 Зал для заседаний Компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка - 2		
14:00 15:00	Обед		
15:00 16:45	<table border="1"> <tr> <td style="text-align: center;">Сессия 11 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 3</td> <td style="text-align: center;">Сессия 12 Зал для заседаний Биоинформатика - 4</td> </tr> </table>	Сессия 11 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 3	Сессия 12 Зал для заседаний Биоинформатика - 4
Сессия 11 Малый конференц-зал Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 3	Сессия 12 Зал для заседаний Биоинформатика - 4		
16:45 17:15	Кофе-пауза		
17:15 19:00	<table border="1"> <tr> <td style="text-align: center;">Сессия 13 Малый конференц-зал Распознавание образов и обработка изображений - 1</td> <td style="text-align: center;">Сессия 14 Зал для заседаний Биоинформатика - 5</td> </tr> </table>	Сессия 13 Малый конференц-зал Распознавание образов и обработка изображений - 1	Сессия 14 Зал для заседаний Биоинформатика - 5
Сессия 13 Малый конференц-зал Распознавание образов и обработка изображений - 1	Сессия 14 Зал для заседаний Биоинформатика - 5		
19:00 20:00	Ужин		

Среда, 1 октября	
8:00 10:00	Завтрак
10:00 11:45	Сессия 15 Малый конференц-зал Математическая теория информации и управления, многокомпонентные случайные системы - 1
11:45 12:15	Кофе-пауза
12:15 14:00	Сессия 16 Малый конференц-зал Математическая теория информации и управления, многокомпонентные случайные системы - 2
14:00 15:00	Обед
15:00 16:45	Сессия 17 Малый конференц-зал Математическая теория информации и управления, многокомпонентные случайные системы - 3
16:45 17:15	Кофе-пауза
17:15 19:00	
19:00 20:00	Ужин

Четверг, 2 октября			
8:00 10:00	Завтрак		
10:00 11:45	<table border="1"> <tr> <td style="text-align: center;">Сессия 18 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 1</td> <td style="text-align: center;">Сессия 19 Зал для заседаний Информационные процессы в живых системах- 1</td> </tr> </table>	Сессия 18 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 1	Сессия 19 Зал для заседаний Информационные процессы в живых системах- 1
Сессия 18 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 1	Сессия 19 Зал для заседаний Информационные процессы в живых системах- 1		
11:45 12:15	Кофе-пауза		
12:15 14:00	<table border="1"> <tr> <td style="text-align: center;">Сессия 20 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 2</td> <td style="text-align: center;">Сессия 21 Зал для заседаний Информационные процессы в живых системах - 2</td> </tr> </table>	Сессия 20 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 2	Сессия 21 Зал для заседаний Информационные процессы в живых системах - 2
Сессия 20 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 2	Сессия 21 Зал для заседаний Информационные процессы в живых системах - 2		
14:00 15:00	Обед		
15:00 16:45	<table border="1"> <tr> <td style="text-align: center;">Сессия 22 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 3</td> <td style="text-align: center;">Сессия 23 Зал для заседаний Биоинформатика - 6</td> </tr> </table>	Сессия 22 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 3	Сессия 23 Зал для заседаний Биоинформатика - 6
Сессия 22 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 3	Сессия 23 Зал для заседаний Биоинформатика - 6		
16:45 17:15	Кофе-пауза		
17:15 19:00	Постерная сессия		
20:00	Заккрытие конференции, банкет		

Пятница, 3 октября	
8:00 10:00	Завтрак
10:00 13:00	Свободное время
13:00 15:00	Обед
15:00 ...	Отъезд

Полная программа

29 сентября

Понедельник

12:15 - 14:00

Малый конференц-зал

Сессия 1:

Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 1

Председатель секции: д.т.н., проф. Вишнеvский В.М.

Лекция

Состояние и перспективы развития широкополосных беспроводных сетей

Вишнеvский В.М.

Эффективность обобщенного механизма переключения битовой скорости в протоколе IEEE 802.11

Игорь Зарубинский, Михаил Якимов

Аннотация:

Одним из основных показателей эффективности работы беспроводной сети является ее пропускная способность, которая напрямую зависит от битовой скорости, используемой станциями сети для передачи кадров с данными. В данной работе рассмотрен механизм с обобщенным правилом переключения битовой скорости передачи. Согласно этому правилу, каждая станция сети переключает битовую скорость если числа последовательных успешных и неудачных попыток передачи достигают некоторых пороговых значений, в общем случае различных для разных битовых скоростей. В статье разработана аналитическая модель, позволяющая оценить пропускную способность беспроводной сети типа Hot spot, работающей по протоколу IEEE 802.11 и состоящей из N станций, каждая из которых реализует рассматриваемый механизм переключения скорости. С помощью предложенной модели проведена оптимизация порогов переключения битовой скорости, исследована производительность беспроводной сети при наличии помех и коллизий, а также определено допустимое число активных станций в сети, при котором механизм остается эффективным.

Пропускная способность широкополосного беспроводного канала точка-точка в режиме насыщения

Сергей Шпилев

Аннотация:

Характеристики широкополосных беспроводных сетей под управлением протокола IEEE 802.11 с функцией распределенного управления (DCF, Distributed Coordination Function) в отсутствие шумов в режиме насыщения, особенно сетей с топологией точка-точка, хорошо изучены как аналитически, так и имитационно. Однако характеристики многокилометрового канала точка-точка с присущими ему особенностями с функциями распределенного, централизованного (PCF, Point Coordination Function) и гибридного (HCCA, Hybrid Controlled Channel Access) управления пока не исследованы. В данной работе аналитическая модель беспроводной сети с функцией распределенного управления в режиме насыщения, предложенная В.М. Вишнеvским и А.И. Ляховым, применяется для моделирования обычного и модифицируется для случая многокилометрового канала точка-точка. Данная модель применяется для вычисления пропускной способности указанных сетей. Представлен сравнительный анализ результатов аналитического и имитационного (на языке GPSS World) моделирования. Также для сравнения приводится аналитически полученная пропускная способность данных каналов в режиме насыщения в случае использования централизованной или гибридной функции управления.

29 сентября**Понедельник****12:15 - 14:00****Сессия 2: Биоинформатика - 1****Зал для заседаний***Председатель секции: д.б.н., проф. Гельфанд М.С.***Analyzing drug-target interaction from a comparative perspective***Robert B. Russell, Olga V. Kalinina***Аннотация:**

Understanding nature of interactions between proteins and low-molecular weight ligands is a key issue in chemoinformatics and drug design. Recent studies indicate that many popular drugs act not on a single but on multiple targets. In this study, we apply molecular modeling techniques to study the possible promiscuity both of small molecules and their target proteins. We compare proteins that bind the same small molecule and small molecules that are bound to each of them, and assess the potential new interactions. This suggests an effective way for prediction of novel interaction partners.

SDPfox - Web-сервер для анализа субстратной специфичности белков*Ольга Калинина, Павел Мазин, Александра Рахманинова, Андрей Миронов, Михаил Гельфанд***Аннотация:**

Предсказание функции и специфичности белка по аминокислотной последовательности или по выравниванию семейства последовательностей является одной из основных задач биоинформатики и приобрело в последние годы особую актуальность. Для выполнения белком своей биологической функции особенно важными являются остатки, которые можно условно разделить на два типа: одни отвечают за общую функцию белка и консервативны для всего семейства, другие - за специфическое распознавание взаимодействующей молекулы (Specificity Determining Positions, SDP) и, предположительно, консервативны в группе белков с одинаковой специфичностью (группа специфичности). В этой работе мы представляем Web-сервер SDPfox (<http://storage.bioinf.fbb.msu.ru/SDPfoxWeb/main.jsp>) и java-программу SDPproff, реализующие алгоритмы для поиска SDP и предсказания групп специфичности по аминокислотному выравниванию. Мы провели сравнение SDPproff с другими программами и серверами, разработанными для тех же целей, на реальных и генерированных данных. Тестирование показывает, что результаты SDPproff по крайней мере не хуже, чем результаты других методов, а в ряде случаев существенно превосходят их.

Корреляции между аминокислотными последовательностями транскрипционных регуляторов и нуклеотидными последовательностями их операторов*Александра Рахманинова, Ольга Лайкова, Юрий Коростелев, Михаил Гельфанд***Аннотация:**

Ранее в нашей группе был разработан метод поиска скоррелированных замен в последовательностях ДНК-связывающих белков и их сайтов связывания. В данной работе мы детально оценили возможности метода на новой, почти в 2 раза большей по сравнению с предыдущей базой транскрипционных регуляторов LACI семейства. Исследовали как индивидуальные предпочтения аминокислотными остатком определенных нуклеотидов организуются в "кооперативные" предпочтения. Также нами было исследовано малоизученное семейство NrtR у белков которого нам удалось правильно указать ДНК распознающую спираль ещё до разрешения ныне известного комплекса представителя семейства с ДНК. Помимо остатков, лежащих на распознающей спирали, скоррелированными с ДНК оказалась группа остатков, участвующих в формировании гидрофобной области над распознающей спиралью. Возможно, что эти остатки определяют специфичность белка за счет управления положением распознающей спирали в большой бороздке. Полученные таблицы предпочтения аминокислотным остатком нуклеотида в соответствующих позициях могут послужить для планирования генно-инженерных экспериментов по мутациям а.о., приводящим к изменению специфичности белка.

29 сентября**Понедельник****15:00 - 16:45****Малый конференц-зал****Сессия 3:****Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 2***Председатель секции: д.т.н., проф. Вишневецкий В.М.***Распределение времен присоединения устройств к беспроводной персональной сети ECMA-368 (WiMedia)***Сафонов Александр, Хоров Евгений***Аннотация:**

Одним из перспективных стандартов высокоскоростной беспроводной персональной сети является разработка альянса крупнейших телекоммуникационных компаний мира – WiMedia (WiMedia Alliance, <http://wimedia.org>, ранее известного как Multiband OFDM Alliance, MBOA). В данной работе исследуется эффективность механизмов синхронизации в беспроводных персональных сетях с распределенным управлением. Механизмы синхронизации обеспечивают согласованную работу и особенно важны, когда в сети происходят изменения: присоединение новых устройств, отключение устройств от сети, смена рабочей частоты, изменение топологии, при возникновении помех, интерференции нескольких пикосетей и т. д. Основное внимание в работе уделено изучению однохоповых сетей в случае одновременного присоединения к сети нескольких устройств, что нередко случается в описанных выше случаях. Исследуется распределение времен присоединения устройств к сети. Для этого построены оптимистическая и консервативная аналитические модели процесса присоединения. На основании результатов численного моделирования составлены рекомендации по изменению значений параметров стандарта ECMA-368, которые призваны существенно уменьшить задержки. Сравнение результатов аналитического и имитационного моделирования позволяет судить о высокой точности разработанных в работе моделей.

Система поллинга с опросом типа "звезда" и ограниченным обслуживанием*Ольга Семенова, Петр Сергеев***Аннотация:**

В работе исследуется система поллинга с N очередями и опросом типа "звезда", то есть очереди обслуживаются в порядке 1, N , 2, N , ..., $N-1$, N . Обслуживание очередей - 1-ограниченное, за одно посещение очереди сервер обслуживает не более одной заявки. Предложен алгоритм расчета стационарных вероятностей состояний системы путем их полиномиального разложения. На основе стационарного распределения вероятностей получены основные характеристики модели. Результаты проиллюстрированы численными примерами.

Анализ характеристик многокилометрового широкополосного беспроводного канала точка-точка с различными функциями управления*Шпилев Сергей, Денис Фахриев***Аннотация:**

В данной работе исследуются зависимость скорости передачи от нагрузки и пропускная способность многокилометрового широкополосного беспроводного канала точка-точка, работающего под управлением протокола IEEE 802.11. Рассматриваются и сравниваются между собой два случая. В первом используется режим распределенного управления DCF (Distributed Coordination Function), в котором реализуется механизм множественного доступа с контролем несущей и предотвращением коллизий (Carrier Sense Multiple Access with Collision Avoidance - CSMA/CA). Во втором одна из двух станций исполняет роль координатора (Hybrid Coordinator, HC), и канал работает в режиме гибридного управления HCF (Hybrid Coordination Function) в соответствии с механизмом HCCA (HCF Controlled Channel Access). Для каждого из случаев исследуется зависимость параметров канала от размеров пакета и минимального конкурентного окна. Механизм RTS/CTS не используется, так как предполагается, что шумы в канале отсутствуют, вследствие чего искажений кадров не происходит. Все исследования проведены с использованием имитационного моделирования на языке GPSS World.

29 сентября

Понедельник

15:00 - 16:45

Сессия 4: Биоинформатика - 2

Зал для заседаний

*Председатель секции: д.б.н., проф. Гельфанд М.С.***A Markov Chain Monte Carlo Technique for Identification of Combinations of Allelic Variants Underlying Complex Diseases***Olga Favorova, Marina Sudomoina, Alexander Favorov, Giovanni Parmigiani, Michael Ochs***Аннотация:**

We present an algorithm, APSampler, that is intended for identification of combinations of allelic variations that are positively or negatively associated with a disease in case-control studies. The algorithm sequentially proposes and tests potential combinations (patterns) of alleles at different loci. For each locus, a pattern identifies a genotype, or an allele carriership, or no preferred allele (i.e., any allele is equally acceptable). APSampler searches for sets of patterns for which carriers and non-carriers significantly differ by the disease level, using a variation of the Metropolis-Hastings algorithm. The a posteriori probability of each pattern is evaluated using a likelihood obtained from a battery of conditional rank sum statistics that ensures that each pattern is evaluated after removing the effect of other patterns from the same set. The software was applied to data from multiple sclerosis and hypertension studies, which included incomplete genotype data, and confirmed its effectiveness.

Подтверждение участия давления отбора в поддержании стабильности CpG островов*Нина Опарина, Дмитрий Виноградов, Андрей Миронов, Александр Фаворов, Инна Перцовская***Аннотация:**

Метилирование ДНК – модификация, играющая ключевую роль в регуляции экспрессии генов, дифференцировке клеток, защите генома и др. CpG острова – обычно защищенные от метилирования участки генома, в которых количество CG динуклеотидов больше, чем в среднем по геному. Они часто обнаруживаются в промотерных областях генов и участвуют в регуляции экспрессии этих генов. CpG острова обнаружены только у хордовых, и, по-видимому, несколько независимых причин привели к их появлению и сохранению в эволюции. В данной работе на основе множественного выравнивания геномов были рассмотрены мутации цитозина с CpG парах внутри островов и в выборке 1000 наборах случайных участков генома у высших приматов и найдена значимая разница в вероятности мутаций вида CpG->notCpG в CpG островах и в среднем по геному. Таким образом, пользуясь методами биоинформатики и статистики, было показано влияние эволюционного отбора на сохранение повышенной концентрации CpG динуклеотидов в CpG островах.

Non-5' CpG islands in the human genome: probable involvement in transcription regulation*Yulia Medvedeva, Marina Fridman, Nina Oparina, Dmitry Malko, Ekaterina Ermakova, Ivan Kulakovskiy, Vsevolod Makeev***Аннотация:**

Recent interest in epigenetic regulation has led to a focus on CpG islands (CGIs) due to their methylation status. While previous studies have addressed CGIs located 5' to genes, the functions of others have been neglected. We demonstrate that CGIs located far from the 5' regions of known genes can be functional. CGIs overlapping with coding exons reduce the synonymous substitution rate in CpG-containing codons independent of their distance from the gene start. Unmethylated regions are found not only in 5' CGIs, but also in intragenic and 3' CGIs. All types of CGIs contain frequent CAGE-tags. Moreover, intragenic, intergenic and 3' located CGIs hold an increased number of Sp1 binding sites. Although 5' CGIs typically encompass more unmethylated CpG pairs, more Sp1 sites, and more CAGE-tags than other types of the CGIs, these data suggest non 5' CGIs (especially 3' CGIs) are likely to participate in non-coding RNA transcription regulation.

29 сентября**Понедельник****17:15 - 19:00****Малый конференц-зал****Сессия 5:****Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 3**

Председатель секции: д.т.н., проф. Вишневский В.М.

Новый алгоритм выбора скорости передачи в сетях стандарта IEEE 802.11

Дмитрий Михин, Алексей Адов, Максим Черкасов

Аннотация:

В данной работе описан новый, перспективный алгоритм выбора скорости в сетях стандарта IEEE 802.11, использующий данные о длинах передаваемых в сети кадров, а также учитывающий свойства радиоканала. Алгоритм был успешно реализован и применяется в реальном беспроводном оборудовании.

Моделирование и анализ протокола маршрутизации HWMP стандарта IEEE 802.11s

Кирилл Андреев, Дмитрий Лаконцев, Андрей Мазо

Аннотация:

Рассматривается беспроводная mesh-сеть, построенная на базе стандарта IEEE 802.11s (Mesh Networking). Сеть состоит из однородных узлов, каждый из которых выполняет функции маршрутизатора; сеть не имеет какого-либо фиксированного транспортного ядра. Основная цель работы – разработка имитационной модели протокола маршрутизации HWMP (Hybrid Wireless Mesh Protocol) и исследование на её основе различных режимов работы протокола при различных размерах топологии. В результате исследования получены численные оценки показателей производительности работы mesh-сети в различных режимах.

Оптимизация механизма определения занятости среды для mesh-сетей стандарта IEEE 802.11s

Алексей Пешков, Алексей Коваленко, Дмитрий Лаконцев

Аннотация:

В работе предложен метод оптимизации определения занятости среды для mesh-сетей стандарта IEEE 802.11s, на основе интерференционной модели.

29 сентября**Понедельник****17:15 - 19:00****Сессия 6: Биоинформатика - 3****Зал для заседаний****Председатель секции:** *д.б.н., проф. Гельфанд М.С.***Реконструкция эволюции систем регуляции генов метаболизма гистидина в бактериях***Алексей Витрещак***Аннотация:**

Бактерии используют различные механизмы для регуляции экспрессии генов. Т-бокс антитерминация является основным механизмом регуляции генов, вовлеченных в метаболизм аминокислот, в Грам-положительных бактериях. Однако, в некоторых грам-положительных бактериях наблюдаются лишь единичные случаи регуляции аминокислотных генов аттенуацией транскрипции или Т-бокс сайтами. Мы предположили, что подобные единичные случаи регуляции эволюционно возникли в тех геномах, где предположительно пропал некоторый неизвестный транскрипционный фактор. Используя методы сравнительной геномики, мы предсказали новый регуляторный сайт и транскрипционный фактор, связывающийся с ним, вовлеченные в регуляцию генов биосинтеза, транспорта и катаболизма гистидина в грам-положительных бактериях. Предсказан регулон для нового регуляторного сигнала. Построена эволюционная модель регуляции генов гистидина тремя различными регуляторными механизмами в Грам-положительных бактериях. Это совместная работа с М.С. Гельфандом.

Изучение системы деградации этаноламина методами сравнительной геномики*Михаил Гельфанд, Дмитрий Равчеев, Ольга Цой, Аркадий Мушегян***Аннотация:**

Одним из источников углерода, азота и энергии бактерий может служить этаноламин. Путь деградации этаноламина был экспериментально изучен у *Salmonella typhimurium*, в которой гены утилизации этаноламина образуют единый *eut* оперон, но ничего не известно об эволюции этой системы. В данной работе была проанализирована эволюция и регуляция генов, ответственных за деградацию этаноламина. Была выдвинута гипотеза о происхождении ферментов деградации этаноламина и дальнейшей эволюции всей системы, включающей события горизонтального переноса генов от *Proteobacteria* к *Actinobacteria* и, предположительно, от предка *Proteobacteria* к предку *Firmicutes*. Также предсказан потенциальный мотив связывания регулятора *EutR*, контролирующего деградацию этаноламина. Также удалось установить связь пути деградации этаноламина с синтезом кофактора через систему регуляции.

Регуляция дыхания бактерий: транскриптомика и сравнительная геномика*Марина Цыганова, Дмитрий Равчеев***Аннотация:**

В настоящее время для изучения экспрессии генов часто применяется метод биочипов, позволяющий одновременно получить и обработать информацию о работе большого числа генов. Несмотря на очевидные преимущества, этот метод имеет также и ряд существенных недостатков, связанных в основном со сложностью технологии эксперимента, высоким уровнем шума и ошибок эксперимента. Метод биочипов предоставляет данные о составе модулона – группы генов, экспрессия которых изменяется при мутации в гене белка-регулятора или при изменении условий среды. В настоящей работе было произведено исследование регуляции дыхания энтеробактерий двумя факторами транскрипции – белками *Fnr* и *ArcA*. Полученные методом сравнительной геномики результаты были сопоставлены с данными биочипов для соответствующих регуляторов, благодаря чему выявлено соотношение регулонов и модулонов, а также показано расширение модулона по сравнению с регулоном за счет регуляторных каскадов.

30 сентября**Вторник****10:00 - 11:45****Малый конференц-зал****Сессия 7: Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 1***Председатель секции: д.т.н., проф. Бурков В.Н.***Система доказательства теорем с автоматической генерацией знаний***Антти Раутайнен, Вадим Стефанюк***Аннотация:**

В докладе решен ряд вопросов, связанных с созданием системы искусственного интеллекта с генерацией логического знания. Найден способ, позволяющий в ряде случаев обойти проблему полуразрешимости математической логики, и показан принцип создания генератора логических высказываний, который удовлетворяет некоторым простым, но обязательным исходным требованиям. В качестве примера приведена система доказательства теорем, в которой используется автоматическая генерация знаний.

Размещение фотографий на холсте с определением коэффициентов масштабирования*Марта Егорова, Илья Сафонов***Аннотация:**

Рассматривается задача оптимального размещения N прямоугольных фотографий произвольного размера на изображении-холсте произвольного размера с определением коэффициентов масштабирования фотографий. Критериями оптимальности могут быть минимум площади перекрытий фотографий, максимум покрытия площади холста, минимум разности между масштабированными изображениями максимальной и минимальной площади, нахождение коэффициентов масштабирования в заданном диапазоне, а также комбинация данных критериев. Существующие алгоритмы размещения и упаковки не позволяют определить коэффициенты масштабирования, поэтому предложено оригинальное решение, включающее три основных этапа: составление всех возможных схем размещения для заданного количества изображений, нахождения для каждого размещения, а также заданных размеров фотографий и холста, коэффициентов масштабирования с помощью МНК, выбор оптимального размещения. Обсуждается вычислительная сложность данного алгоритма и предлагается его эффективная реализация. Предлагается фрактальный подход для решения задачи в случае большого N . Приведены примеры работы предложенного алгоритма для различных критериев оптимальности размещения.

GeoТайм II - новая геоинформационная технология исследования пространственно-временных процессов*Александр Дерендяев, Павел Метриков, Валерий Гитис***Аннотация:**

Обсуждается геоинформационная технология анализа пространственно-временных процессов и ее реализация в распределенной сетевой ГИС GeoТайм II. ГИС ориентирована на решение двух типов задач: (1) Визуализация пространственной и пространственно-временной географической информации (ГИ), оценивание связей между ее компонентами и (2) Нахождение зависимостей в ГИ, прогнозирование, обнаружение и распознавание целевых стационарных и динамических свойств изучаемой среды. Решение этих задач требует разработки геоинформационной технологии, которая поддерживает комплексный анализ ГИ, обеспечивает высокую интерактивность анализа, позволяет интегрировать данные, распределенные на сетевых серверах и на ПК пользователя. Дополнительное требование связано с многообразием предметных областей анализа: система должна иметь открытую архитектуру и состоять из базового ядра и распределенных плагинов.

30 сентября**Вторник****10:00 - 11:45****Зал для заседаний****Сессия 8: Компьютерная лингвистика****и моделирование естественного языка - 1***Председатель секции: к.филол.н. Иомдин Л.Л.***Развитие системы построения семантического представления текста с использованием языка-посредника UNL на базе лингвистического процессора ЭТАП-3***Вячеслав Диконов***Аннотация:**

В работе описывается текущее состояние работы по созданию на базе лингвистического процессора ЭТАП-3 системы получения семантического представления текста на английском языке в формате "Универсального Сетевого Языка" UNL. Предлагается обзор архитектуры системы, используемого словаря концептов, а также применяемых правил разрешения лексической неоднозначности.

Использование конечных автоматов для морфологического анализа и синтеза на основе словарей системы ЭТАП*Антон Казенников***Аннотация:**

В настоящей работе рассматривается применение методов, основанных на конечных автоматах для морфологического синтеза и анализа с использованием словарей системы ЭТАП. В настоящее время в системе ЭТАП морфологический анализ/синтез производится на основе таблиц. Такое устройство предполагает наличие отдельных таблиц для анализа и синтеза. Подход на основе конечных автоматов позволяет ускорить работу анализа и синтеза, а также существенно уменьшить объем дублирующейся информации. В работе рассматриваются вопросы конструирования и поддержки минимальности конечных автоматов и конечных преобразователей, а также возможность встраивания используемых методов в систему ЭТАП.

Извлечение информации о сочетаемости лексем из аннотированного корпуса текстов*Павел Дяченко, Татьяна Фролова***Аннотация:**

В настоящем докладе описывается извлечение из текстов информации о лексической сочетаемости слов, которая должна быть представлена в словарных статьях АОР-систем для корректной обработки ими идиоматичных структур. Известно, что существует определенный набор синтаксических контекстов, в которых регулярно встречаются несвободные словосочетания. Таким образом, есть возможность получать информацию о несвободной лексической сочетаемости слов из синтаксически размеченного корпуса текстов. Для данного исследования используется морфологически и синтаксически размеченный корпус текстов объемом в 28 000 тысяч предложений, который был создан в Лаборатории компьютерной лингвистики ИППИ РАН. Из этого корпуса были автоматически выбраны определенные синтаксические контексты для пробного списка слов. Для пополнения и уточнения информации о сочетаемости в словарных статьях из результатов поиска были выбраны нестандартные словосочетания.

30 сентября**Вторник****12:15 - 14:00****Малый конференц-зал****Сессия 9: Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 2***Председатель секции: д.т.н., проф. Бурков В.Н.***Задачи оптимизации и информационного обеспечения при управлении ДПТ***Алексей Синюков***Аннотация:**

В работе предложены методы синтеза оптимального управления для двигателя постоянного тока (ДПТ), с использованием процедуры декомпозиции основанной на скользящих режимах. Для информационного обеспечения алгоритмов управления применяются наблюдатели состояния на скользящих режимах, позволяющие оценить скорость вращения вала двигателя и неизвестный момент сопротивления.

Проектирование структур данных для комплекса сбора оперативной информации о случаях заболеваний*Дмитрий Волчков, Вадим Суртин***Аннотация:**

Работа связана с проектом, который выполняется в институте по заказу министерства здравоохранения РФ. Целью проекта является создание автоматизированного комплекса сбора и анализа информации по инфекционным заболеваниям. В данной работе рассматриваются вопросы проектирования структур данных для комплекса сбора оперативной информации о случаях заболеваний на основании исследований предметной области, изложенных в предыдущей работе.

Вычисление геометрических параметров поверхности при наличии детерминированных возмущений*Сергей Кочетков***Аннотация:**

Большая часть размерного контроля деталей в машиностроении выполняется контактным методом с помощью индуктивных приборов. В таких измерительных системах используется свойство катушки индуктивности изменять своё реактивное сопротивление при изменении положения чувствительного элемента. В данной работе рассматривается алгоритм идентификации для описанных выше измерительных систем при наличии детерминированных возмущений. Решение данной проблемы разбивается на две подзадачи: синтез алгоритма управления с использованием интегральных регуляторов и синтез алгоритма идентификации с использованием принципов динамической компенсации. Приводятся результаты компьютерного моделирования, показывающие эффективность предложенного подхода.

30 сентября**Вторник****12:15 - 14:00****Зал для заседаний****Сессия 10: Компьютерная лингвистика
и моделирование естественного языка - 2***Председатель секции: к.филол.н. Иомдин Л.Л.***Сравнение качества работы синтаксического анализатора системы ЭТАП и статистического синтаксического анализатора MaltParser на материале текстов из корпуса СинТагРус.***Виктор Сизов, Денис Валеев, Леонид Крейдлин****Аннотация:***

В работе представлены способ и результаты сравнения качества работы двух синтаксических анализаторов (парсеров) – основанного на правилах парсера, входящего в состав лингвистического процессора ЭТАП-3, и статистического парсера MaltParser. Оценка качества для каждой из рассматриваемых систем производилась путем сравнения по различным критериям построенных ими синтаксических структур с эталонными синтаксическими структурами. Ввиду того, что MaltParser использует входные данные с уже снятой частеречной и, в большей степени, лексической омонимией, аналогичное разрешение омонимии реализовано и для ЭТАП-3 – в специальном экспериментальном режиме. Источником эталонных структур и входных фраз, а также данных для обучения статистического парсера и снятия омонимии является глубоко аннотированный корпус русских текстов СинТагРус. Результаты сравнения двух парсеров показали, что после устранения частеречной и лексической омонимии парсер системы ЭТАП-3 существенно превосходит MaltParser практически по всем критериям, в частности, по критерию правильности установления синтаксического хозяина и правильности определения типов синтаксических отношений.

Лексические функции и возможности оптимизации поиска информации в интернете*Светлана Тимошенко****Аннотация:***

На базе лингвистического процессора ЭТАП-3 была разработана опция экспериментального перифразирования, позволяющая определенным образом модифицировать класс поисковых запросов, которые ориентированы на поиск информации о численных значениях параметров объектов. Теоретически замена двух- и трехсловных поисковых запросов полученными структурами должна была увеличить точность поиска. Эксперимент, эмулирующий работу поисковой машины с перифразированием, показал, что показатель точности поиска повышается в среднем на 24%. Кроме того, было установлено, что с помощью получаемых структур, так называемых перифраз, возможно более точно искать некоторые другие типы данных.

30 сентября**Вторник****15:00 - 16:45****Малый конференц-зал****Сессия 11: Информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях - 3***Председатель секции: д.т.н., проф. Бурков В.Н.***Исследование струйного акселерометра для резервных систем управления***Павел Коврыгин***Аннотация:**

Проведены исследования по построению акселерометра на пневматических струйных элементах. Рассмотрены возможные принципиальные схемы реализации последовательного преобразования ускорения в пневматический аналоговый сигнал давления, далее в частотный сигнал и интегрирования его для вычисления сигнал скорости. Разработана схема струйного акселерометра, изготовлен макет с использованием струйных элементов СМСТ-2 и ВОЛГА и проведены его экспериментальные исследования. Исследования показали оригинальность и работоспособность макета в пределах значений измеряемых ускорений по выбранной принципиальной схеме, а также что для точного измерения усилий может быть использован частотный датчик с колебательным элементом в виде струны с возбуждением и считыванием колебаний с помощью газоструйных технических средств.

Допредельная реализация метода иерархии управлений в системе управления двухзвенным манипулятором*Антон Уткин***Аннотация:**

Рассматривается задача прямого управления конечной точкой двухзвенного манипулятора. Предложен метод допредельной иерархии управлений в случае неопределённости входных каналов оператора объекта управления.

Введение платы за участие в механизмы активной экспертизы*Николай Коргин, Владимир Бурков***Аннотация:**

Исследуется возможность введения трансферов в механизм активной экспертизы для улучшения эффективности. Неманипулируемый механизм активной экспертизы с платой за участие строится с помощью методов mechanism design – теоремы Гровса-Грина-Лафона. Приводится альтернативный метод построения, позволяющий существенно упростит алгоритм получения результатов.

Оптимизация процесса центрифугирования путем определения текущей массы в барабане*Наталья Ханина***Аннотация:**

Для увеличения производительности сахарной центрифуги необходимо знать текущую массу суспензии в барабане. Например, при загрузке слишком большая или маленькая загруженная масса ведёт к неоправданно высокому расходу энергии. Центрифуга представляет собой электромеханическую систему "электродвигатель - барабан с загружаемой массой". Во время вращения эта система описывается основным уравнением движения электропривода, используя которое, датчик вычисляет массу, находящуюся в барабане в каждый момент времени. Но в уравнении движения не одна, а две неизвестные величины. Помимо массы, присутствует ещё статический момент на валу электродвигателя. Его строгое определение не представляется возможным из-за сложных гидромеханических процессов, происходящих во время центрифугирования. Поэтому в использующихся на производстве датчиках предполагается, что статический момент постоянен. Однако в реальных условиях это не так, что приводит к погрешностям в определении массы и к снижению качества продукта. В работе на основании экспериментальных данных определяется вид зависимости статического момента от времени в течение центрифугирования.

30 сентября**Вторник****15:00 - 16:45****Сессия 12: Биоинформатика - 4****Зал для заседаний***Председатель секции: д.б.н., проф. Гельфанд М.С.***CRISPR-системы в метагеномах***Ирена И. Артамонова, Михаил С. Гельфанд, Валерий А. Сорокин***Аннотация:**

Новый тип прокариотического иммунитета был недавно открыт и описан в общих чертах. Он получил название CRISPR-систем (от “Clusters of Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats”). Такие системы состоят из кассет - специальных структур в ДНК, и белков, ассоциированных с этими кассетами. CRISPR-системы осуществляют защиту прокариотической (бактериальной или архейной) клетки от чужеродной ДНК, в частности, от атак фагов или плазмид. Мы разработали схему поиска CRISPR-кассет в метагеномах. Анализ CRISPR-кассет самого большого на сегодняшний день метагенома Sorcerer II показал, что метагеномы обеднены такими кассетами по сравнению с отсекарованными полными прокариотическими геномами в среднем. По паттерну сходства между двумя метагеномными контигами можно различить возможных агентов генетической агрессии и случаи горизонтального переноса всей кассеты между близкородственными и/или более далекими биологическими видами. Создана база данных, предоставляющая доступ к CRISPR-кассетам метагеномов.

Comparative Analysis of Transcription Regulation Strategies of Bacteriophages T4 and RB49*Konstantine Severinov, Dmitry Ravcheev, Mikhail Gelfand, Ksenia Pougach***Аннотация:**

The genome of bacteriophage T4-related coliphage RB49 has recently been sequenced. Given the highly integrated strategy of transcription regulation during bacteriophage T4 development, it was reasonable to expect that RB49 would have a similar transcription regulation strategy. Contrary to this expectation, the RB49 genome has no recognizable homologs for essential T4 regulators such as *motA*, *asiA*, *alc*, and *g42*. On the other hand, homologs of T4 *alt*, *denA*, *g33*, *g45*, and *g55* genes are readily detected. The absence (by whole-genome bioinformatic analysis) of sequences matching strong T4 early promoters in the RB49 genome can be regarded as evidence for a distinct mechanism of early genes transcription in RB49. The absence of *asiA* and *motA* (and T4 middle promoters), as well as the presence of putative strong $\sigma 70$ RNAP promoters in front of many homologs of T4 middle genes, suggests that the middle transcription, if it exists in RB49, shall be also regulated differently than in T4. On the other hand, the late transcription of RB49 genome appears to proceed the same way as in T4. We will present the results of experimental study that i) identify temporal classes of RB49 transcription; ii) map RB49 promoters of different classes, and iii) identify RB49-encoded transcription factors that interact with host RNA polymerase

Построение НММ, основанной на правилах взаиморасположения сайтов связывания транскрипционных факторов, и ее применение для поиска корегулируемых генов в геномах рода *Drosophila**Александр Фаворов, Андрей Миронов, Роман Сутормин, Анна Никулова***Аннотация:**

Для понимания регуляции транскрипции генов необходимо знать закономерности, лежащие в основе группировки сайтов связывания факторов транскрипции и формирования ткане-специфичных регуляторных элементов. В данной работе мы попытались выявить правила взаиморасположения сайтов, сохраняющиеся в регуляторных областях гомологичных генов развития в геномах рода *Drosophila*. На основе выявленных правил была построена НММ, которая была применена для поиска схожих регуляторных модулей в предгенных областях других генов и выявления корегулируемых генов.

30 сентября**Вторник****17:15 - 19:00****Сессия 13: Распознавание образов и обработка изображений - 1****Малый конференц-зал***Председатель секции: член-корр. Кулешов А.П.***Быстрый алгоритм совмещения изображений документов в произвольной геометрической модели***Сергей Усилин, Дмитрий Николаев, Василий Постников***Аннотация:**

В работе описан новый алгоритм определения типа документа, основанный на динамическом совмещении изображения образца с исследуемым изображением. Ключевой особенностью алгоритма является использование стандартизованного описания произвольной геометрической модели документа. Это делает алгоритм применимым для большого количества различных классов документов. Второй особенностью алгоритма является медленный (сублинейный) рост вычислительных затрат при увеличении количества типов документов, к которым может принадлежать образец.

Использование методов анализа неподвижных изображений для поиска событий в видеопоследовательностях*Лев Рубанов, Иван Кондратенков***Аннотация:**

В работе рассмотрены возможности использования методов анализа неподвижных изображений в пространственной и частотной областях для распознавания интересующих событий в видеопоследовательности. Экспериментальная часть базировалась на обработке и анализе цифровых изображений на ПК с последующей численной и визуальной оценкой результатов при различных уровнях качества видеопоследовательности. Для тестирования использовались видеофрагменты, взятые с различными видеорядами, из которых в дальнейшем для исследования выделялось определенное подмножество ключевых кадров алгоритмов видеокопрессии, которые обычно применяются в системах охранного телевидения. Полученные в результате обработки этих опорных кадров векторы признаков в дальнейшем предполагается обрабатывать с применением методов временного анализа. Для программной реализации различных методов использовались системы математического моделирования Mathcad и MATLAB.

Метод идентификации типа документа по структуре проекций его изображения на координатные оси*Василий Постников, Дмитрий Николаев, Павел Безматерных***Аннотация:**

В работе предложен новый подход к решению проблемы идентификации типа документа по структуре проекций его изображения на координатные оси. Подход основан на предположении о том, что структура проекций изображения на координатные оси неизменна для каждого типа документа. Для ориентации осей предполагается использовать преобразование Хафа, а для сравнения структуры гистограмм с соответствующими эталонами – алгоритм динамической трансформации временной шкалы (Dynamic time warping, DTW). Предложенный подход по построению является устойчивым к ряду геометрических искажений, в том числе к нелинейному масштабированию изображения. В работе также предлагается метрика, обеспечивающая устойчивость алгоритма DTW по отношению к вариациям заполнения документов-анкет.

Метод восстановления изображений, подверженных радиальной дисторсии

Семён Карпенко, Сергей Гладилин, Дмитрий Николаев

Аннотация:

В работе обсуждается новый метод восстановления изображений, подверженных радиальным оптическим искажениям. Метод основан на быстром вычислении полного преобразования Хафа (Hough transform) исходного изображения, не требует вмешательства человека, может применяться к изображениям, полученным от неизвестных фото- и видеокамер без предварительной калибровки. Суть метода заключается в подборе параметров искажения, исправление которого привело бы к образованию на изображении прямых линий максимально возможной общей протяжённости. Эта величина оценивается по результатам преобразования Хафа с помощью разработанного авторами функционала. Надежность метода иллюстрируется на реальных изображениях.

30 сентября**Вторник****17:15 - 19:00****Сессия 14: Биоинформатика - 5****Зал для заседаний***Председатель секции: д.б.н., проф. Гельфанд М.С.***Polymorphism due to multiple amino acid substitutions at a codon site within *Ciona savignyi****Michael Brudno, Alexey Kondrashov, Nilgun Donmez, Georgii Bazykin***Аннотация:**

We compared two haploid genotypes sequenced from the same *Ciona savignyi* individual and identified codons at which these genotypes differ by two non-synonymous substitutions. Using the *Ciona intestinalis* genome as an outgroup, we showed that both non-synonymous substitutions tend to happen within the same lineage. Only in 64 (24%) of 267 codons, one substitution occurred in each of the two allelic lineages, although 133 (50%) of such codons are to be expected if substitutions were independent. Such clumping of non-synonymous substitutions indicates that a substantial fraction of non-synonymous differences between *C. savignyi* individuals are adaptive.

Deleterious effect of mitochondrial nucleotide repeats in Chordata*Alex Kuptsov, Konstantin Popadin, Leila Mamirova***Аннотация:**

Repeats are hotspots for deletions in mitochondrial genome (1). The short mitochondrial genomes with deleted fragments possess higher replication rate and thus outnumber the normal ones during intracellular competition (2). Accumulation of such mitochondrial genomes with large deletions leads to a number of neuromuscular disorders (3,4). It seems likely, that repeats in mtDNA are deleterious in late live (DILL) mutations, which therefore might determine aging (5). In our work we test this suggestion. Firstly, we hypothesize that abundance of repeats in mitochondrial genome correlates with generation time across Chordata phylum. Secondly, we hypothesize that high temperature as well as basal metabolic rate determine increased mutability of mtDNA leading to higher deleterious effect of repeats. The theory of aging and influence of basal metabolic rate on mutability of mitochondrial DNA are discussed in light of the obtained results.

Genome-wide assessment of codon usage correlation*Dmitriy Vinogradov, Andrey Mironov***Аннотация:**

Unequal usage of synonymous codons has been proved to impact the protein folding or the gene product expression rate significantly in some cases. Under the basic assumptions, functionally important properties should be conserved in orthologous groups. The goal of this research is to check whether the codon usage is conserved during the evolutionary process. Average correlation coefficient was calculated for all protein families from the PFAM database and the Monte-Carlo method was used to evaluate the background distribution. The results suggest that the observed CC value can not be explained by stochastic reasons only, hence the codon usage should be under evolutionary pressure.

Эволюция недавно дублировавшихся паралогов генома человека*Ирена Артамонова, Александр Панчин***Аннотация:**

При изучении эволюции участков генов, кодирующих белки, часто рассматриваются две величины: количество синонимичных (K_s) и количество несинонимичных (K_n) замен на сайт. Предполагается, что на синонимичные сайты, не влияющие на последовательность кодируемого белка, отбор действует незначительно. Поэтому количество синонимичных замен является “молекулярными часами”, по которым можно оценить время расхождения между двумя последовательностями. Соотношение K_n/K_s используется для определения силы и направления отбора. В данной работе исследовалась эволюция недавно дублировавшихся паралогичных семейств генов человека. Большинство паралогичных семейств эволюционируют в условиях отрицательного отбора, который, по-видимому, ослабляется на короткий срок после дубликации. Примерно четверть всех генов таких семейств эволюционирует асимметрично: один из двух ближайших паралогов накапливает несинонимичные замены быстрее, чем другой. То есть, после дубликации одна копия гена может оставаться практически неизменной, в то время как другая претерпевает изменения. Так же встречаются пары ближайших паралогов, не одинаково накапливающие синонимичные замены, что свидетельствует о возможных неточностях измерения времени с помощью “молекулярных часов”, использующих K_s .

01 октября**Среда****10:00 - 11:45****Малый конференц-зал****Сессия 15: Математическая теория информации и управления,
многокомпонентные случайные системы - 1***Председатель секции: к.ф.-м.н., доц. Тулупьев А.Л.***Приглашенный доклад****Байесовские и марковские сети: логико-вероятностный вывод в базах фрагментов знаний с неопределенностью***Тулупьев А.Л.***Аннотация:**

Основные определения и положения теории алгебраических байесовских сетей, байесовских сетей доверия и марковских сетей излагаются с точки зрения «объединяющего» указанные формализмы логико-вероятностного подхода (в версии Н. Нильссона и его последователей). Указанные виды сетей могут быть использованы как математические модели баз фрагментов знаний с неопределенностью для проектирования и реализации интеллектуальных систем, вывод в которых опирается на стохастические закономерности, выявленные в некоторой предметной области. Источниками таких закономерностей могут служить как результаты «извлечения» знаний из специалистов-экспертов, так и анализ накопленных массивов данных. Считается, что для закономерностей, полученных любым из указанных путей, характерны, с одной стороны, особая структура, допускающая декомпозицию, а с другой, различные виды неопределенности.

Уравнение Пенлеве VI и дополнительные особенности фуксовых уравнений*Ренат Гонцов***Аннотация:**

Уравнение Пенлеве VI -- нелинейное дифференциальное уравнение второго порядка, подвижные особые точки которого могут быть только полюсами. Среди нелинейных уравнений второго порядка, обладающих этим свойством, выделяют шесть (Пенлеве I-VI), решения которых в общем случае не выражаются через классические спецфункции. Интересным фактом является связь уравнения Пенлеве VI с линейными фуксовыми уравнениями. А именно, уравнение Пенлеве VI управляет сохраняющими монодромию деформациями фуксова уравнения с четырьмя особыми точками (и одной дополнительной). Планируется рассказать о построении семейства фуксовых уравнений с четырьмя заданными особенностями и монодромией, дополнительные (пятые) особые точки которых (как функции некоторого параметра) являются решениями соответствующих уравнений Пенлеве VI.

01 октября**Среда****12:15 - 14:00****Малый конференц-зал****Сессия 16: Математическая теория информации и управления,
многокомпонентные случайные системы - 2***Председатель секции: к.ф.-м.н., доц. Тулупьев А.Л.***Оптимальное нечеткое агрегирование информации в системах принятия решений***Александр Алфимцев, Владимир Девятков***Аннотация:**

В работе проводится сравнительный анализ двух нечетких операторов агрегирования Суджено и Шоке, по критериям надежности принимаемых решений и вычислительной сложности. Под надежностью принятия решения понимается процент правильно принятых решений из числа всех попыток. В большинстве существующих систем, использующих нечеткие операторы агрегирования, отдается предпочтение нечеткому оператору Шоке перед нечетким оператором Суджено, но в данной статье будет отмечено, что надежность принятия решений, при определенных условиях, с помощью обоих операторов одинаковая. И так как, оператор Суджено вычислительно-эффективней, чем оператор Шоке, то применение данного оператора в системах принятия решений оптимальней, чем применение оператора Шоке.

Об одном достаточном условии PSPACE-разрешимости транзитивных модальных логик*Илья Шатиоровский***Аннотация:**

В работе описано достаточное условие PSPACE-разрешимости транзитивных модальных логик. Показано, что логики, полные относительно т. н. упорядоченных множеств шкал умеренного роста, являются PSPACE-разрешимыми. В явном виде построен алгоритм проверки выполнимости на таких множествах шкал.

Деформация границы простых множеств под действием растягивающей последовательности отображений*Сергей Комеч***Аннотация:**

Изучается соотношение между ростом объема множества и искажением его границы под действием растягивающей последовательности отображений. Полученные результаты находят применение при изучении геометрического смысла энтропии Колмогорова-Синая для диффеоморфизмов.

01 октября**Среда****15:00 - 16:45****Малый конференц-зал****Сессия 17: Математическая теория информации и управления,
многокомпонентные случайные системы - 3***Председатель секции: к.ф.-м.н., доц. Тулупьев А.Л.***Применение идемпотентного принципа соответствия для решения задач теории систем массового обслуживания***Сергей Жбанов***Аннотация:**

Работа посвящена приложению модельной алгебраической структуры R_{\max} из семейства идемпотентных полуколец. Идемпотентная (в зарубежных источниках её чаще называют тропическая) математика за короткий срок своего существования сумела обеспечить глубокое понимание и изящное решение многих проблем оптимизации и управления, поэтому применение идемпотентного принципа соответствия для решения задач теории систем массового обслуживания (СМО) отвечает не только требованиям актуальности, но и содержит в себе новизну подхода, новаторство.

02 октября**Четверг****10:00 - 11:45****Сессия 18: Передача, защита и обработка информации – 1****Малый конференц-зал***Председатель секции: д.т.н. Зяблов В.В.***Лекция****Теория передачи и защиты информации в ИППИ РАН***Зяблов В.В.***Аннотация:**

Определяются основные понятия и проблемы в развитии теории информации и теории кодирования. Анализируются достижения сотрудников ИППИ РАН в рассматриваемой области. Показывается место результатов полученных в ИППИ в мировом развитии рассматриваемой области. Формулируются основные направления современного развития теории передачи и защиты информации.

Исправление стираний низкоплотными кодами Галлагера*Виктор Зяблов, Павел Рыбин***Аннотация:**

В работе рассмотрены низкоплотные коды с кодом-компонентом с проверкой на четность и их корректирующие свойства в канале со стираниями. Показано, что существует такой низкоплотный код, который при просто реализуемом итеративном алгоритме декодирования исправляет долю стираний, растущую линейно с длиной кода. При этом количество итераций декодирования, необходимых для исправления стираний, равно по порядку логарифму от длины кода. Рассмотрен метод расчета доли исправимых стираний. Проведен сравнительный анализ численных результатов для некоторых параметров кода, представленных в этой статье и полученных ранее.

02 октября**Четверг****10:00 - 11:45****Сессия 19: Информационные процессы в живых системах - 1****Зал для заседаний***Председатель секции: к.б.н. Бастаков В.А.***Лекция****Система внутреннего представления в управлении позой и движениями***Левик Ю.С.***Лекция****Переработка информации в живых и технических системах: параллели, противоречия и перспективы взаимопроникновения***Бастаков В.А.*

02 октября**Четверг****12:15 - 14:00****Малый конференц-зал****Сессия 20: Передача, защита и обработка информации - 2***Председатель секции: д.т.н. Зяблов В.В.***Оценивание характеристик канала в системе множественного доступа, основанной на перестроении ортогональных частот.***Дмитрий Осипов***Аннотация:**

Рассматривается система множественного доступа, основанная на перестроении ортогональных частот, отличающаяся от систем такого типа рассматривавшихся ранее. Задачей настоящей работы является разработка процедуры оценивания характеристик "восходящего" канала в вышеупомянутой системе и исследование ее свойств. Предлагаемая многоступенчатая процедура характеризуется относительно низкой сложностью и не требует введения специального режима передачи данных для целей оценивания, что позволяет использовать ее как в режиме "вхождение в связь" при накоплении первичных оценок, так и в режиме "передача данных" для улучшения оценок после декодирования. Эффективность предложенной процедуры оценивания подтверждается результатами моделирования.

Сравнительный анализ помехоустойчивости плетёных свёрточных (woven) и турбо кодов*Алексей Адов, Максим Черкасов, Александр Чеклин***Аннотация:**

В докладе рассматриваются каскадные кодовые конструкции, описанные в литературе как турбо коды и плетеные (woven) коды. Обе эти конструкции строятся с использованием двоичных систематических сверточных кодов в качестве внешних и внутренних кодов каскадных схем кодирования. При построении этих кодов используются составляющие их сверточные коды со скоростями передачи от 1/4 до 8/9 и памятью от 2 до 6. Получающиеся результирующие турбо и плетеные коды имеют скорости передачи от 1/16 до 64/81. Декодирование каскадных конструкций основано на итеративном принципе с использованием оптимальных декодеров по максимуму апостериорной вероятности с «мягкими» входами и выходами для внешних и внутренних кодов. В качестве перемежителей (интерливеров) применяются различные перемежители европейского и американского стандартов. В докладе представляются результаты компьютерного моделирования описанных выше каскадных схем в гауссовском и релейском каналах. Для моделирования использовалась система компьютерного исследования конструкций плетеных сверточных и турбо кодов – «Code». Показывается, что широко применяемым сейчас турбо кодам во многих практически важных ситуациях хорошую альтернативу составляют плетеные сверточные коды.

Программный комплекс для исследования систем передачи данных*Дмитрий Зигангиров, Фёдор Грошев***Аннотация:**

Модель системы связи «Модель СПД-Simulink» предназначена для разработки и моделирования систем передачи данных по беспроводным каналам связи. Модель разработана в среде Simulink для Matlab. Он представляет собой многофункциональный и гибкий инструмент проектирования и исследования систем передачи данных с помехоустойчивым кодированием, который позволяет специалистам-разработчикам систем связи при минимальном объеме знаний в области помехоустойчивого кодирования создавать нужные им корректирующие коды и сравнивать их с другими вариантами, а специалистам-исследователям при минимальных затратах разрабатывать и проводить сравнительный анализ различных перспективных систем кодирования.

02 октября

Четверг

12:15 - 14:00

Сессия 21: Информационные процессы в живых системах - 2

Зал для заседаний

*Председатель секции: к.б.н. Бастаков В.А.***Различные способы неспецифической активации шагательной активности в условиях разгрузки нижних конечностей у человека.***Ирина Солопова, Виктор Селионов***Аннотация:**

У многих позвоночных локомоторная активность связана со центральным генератором шагания (ЦГШ), активация которого зависит от его тонического состояния. Мы исследовали значение фактора тонических влияний на проявление локомоторных эффектов у человека, используя неспецифические, разномодальные афферентные входы для активации шагательной активности в условиях разгрузки нижних конечностей. С этой целью применяли вибростимуляцию мышц ног или электрическую стимуляцию дистальных нервов ног, прием Ендрассика и эффект Конштамма. Показано, что использование всех этих методов является существенным фактором, достаточным для активации локомоторного автоматизма у человека в условиях разгрузки. Наряду с этим исследовали влияние сигналов от разномодальных рецепторов стопы на характер вызванных движений созданием искусственной нагрузки на подошву вывешенной конечности. Дополнительный афферентный вход от рецепторов нагрузки изменял кинематический и электромиографический паттерн вызванных движений. Таким образом, неспецифические афферентные влияния могут повышать тоническую готовность ЦГШ и делать возможным активацию локомоторного автоматизма у человека. Создание афферентного входа, имитирующего нагрузку, является облегчающим фактором для инициации шагательных движений у человека.

Использование записей движений глаз для анализа механизмов зрительной оценки размеров на примере иллюзии Мюллера-Лайера*Галина Рожкова, Василий Огников, Павел Максимов***Аннотация:**

Цель работы – выяснение механизмов оценки длины в случае геометрических зрительных иллюзий. Метод - запись движений глаз в процессе сравнения длины отрезков в отсутствие дополнительных линий и в присутствии дистракторов, порождающих иллюзию Мюллера-Лайера. Регистрацию движений глаз производили при помощи системы, iView X™ Hi-Speed 1250 (SMI). В условиях бинокулярного наблюдения было протестировано 15 взрослых испытуемых от 18 до 60 лет. Зарегистрированные движения глаз трудно назвать «метрическими» или отражающими расположение информативных точек. Анализ записей позволяет отвергнуть любые гипотезы, связанные с непосредственным использованием глазодвижительной информации для оценки размеров в условиях наших экспериментов.

Движения глаз при восприятии неоднозначных изображений типа куба Неккера*Мария Желтова, Павел Максимов, Владимир Бастаков, Андрей Панютин***Аннотация:**

Цель работы – оценить корреляцию между движениями глаз и динамикой восприятия неоднозначных фигур. В качестве неоднозначной фигуры использован куб Неккера, при длительном наблюдении которого происходит чередование двух возможных интерпретаций контурного рисунка – как бы обращение куба. Регистрацию движений глаз производили при помощи установки для записи движения глаз, iView X™ Hi-Speed 1250 (SMI). В условиях бинокулярного наблюдения было протестировано 15 взрослых испытуемых от 18 до 60 лет. Построенные по результатам каждого эксперимента карты плотности фиксации взора в разных точках изображения демонстрируют большую индивидуальную вариабельность. Анализ этих карт и исходных треков позволяет отвергнуть любые гипотезы, связанные с непосредственным использованием характера движений глаз для детекции моментов обращения фигуры в условиях наших экспериментов.

02 октября

Четверг

15:00 - 16:45

Малый конференц-зал

Сессия 22: Передача, защита и обработка информации - 3

Председатель секции: д.т.н. Зяблов В.В.

Применение вэйвлет-преобразования для анализа спектров EXAFS: исследование причины появления и анализ артефактов на спектрограммах

Василий Павлов, Марина Чукалина

Аннотация:

Исследование рентгеновских спектров поглощения (EXAFS) является важным инструментом в структурных исследованиях аморфных и жидких тел. Вейвлет-преобразование данных EXAFS существенно увеличивает чувствительность метода. Для модельной функции аналитически получен интерференционный член ее вэйвлет-преобразования Морле, что может упростить интерпретацию спектрограмм реальных сигналов.

02 октября

Четверг

15:00 - 16:45

Сессия 23: Биоинформатика - 6

Зал для заседаний

*Председатель секции: д.б.н., проф. Гельфанд М.С.***Positive selection and alternative splicing of human genes***Alexei Neverov, Andrei Mironov, Ramil Nurtdinov, Vasily Ramensky, Mikhail Gelfand***Аннотация:**

Single nucleotide polymorphisms and human-chimpanzee divergence in the exons of 6,672 alternatively spliced human genes were studied with the aim to understand the forces driving the evolution of alternatively spliced sequences. The alternatively spliced regions from minor isoforms experience lower selective pressure at the amino acid level accompanied by selection against synonymous sequence variation. The results of the McDonald-Kreitman test suggest that, unlike the constitutive regions, they are also subject to the positive selection, with up to 27% of amino acids fixed by positive selection.

Эволюция альтернативного сплайсинга генов млекопитающих*Михаил Гельфанд, Андрей Миронов, Рамиль Нуртдинов***Аннотация:**

В процессе эволюции организмы могут приобретать новые свойства либо путем добавления новых генов, либо путем добавления нуклеотидной информации в уже существующие гены, например созданием нового экзона. Альтернативный сплайсинг является идеальным механизмом тестирования и отбора таких экзонов. Первоначально новый экзон имеет небольшую частоту включения и отсутствует в большей части мРНК. Если кодируемый альтернативным вариантом мРНК белок окажется полезным, то возможность его создания может быть закреплена в популяции. Согласно современным оценкам доля альтернативно сплайсируемых генов человека или мыши составляет около 50%, причем большая часть альтернативных вариантов мРНК не консервативна и имеет крайне низкую частоту использования. Анализ консервативности альтернативного сплайсинга дает возможность выделить экзоны, появившиеся в ходе эволюции разных видов и таксонов. Был проведен анализ консервативности элементарных событий альтернативного сплайсинга генов мыши в геномах человека, собаки и крысы. Максимальная консервативность альтернативно сплайсируемых участков наблюдается в генах с наименьшей скоростью молекулярной эволюции белковой последовательности, в то время как в более быстро эволюционирующих генах возрастает доля неконсервативных альтернатив.

Поиск вторичных структур РНК в интронах представителей рода *Drosophila**Андрей Миронов, Михаил Гельфанд, Дмитрий Первушин, Екатерина Храмева***Аннотация:**

У многих организмов вторичная структура РНК оказывает значительное влияние на процессы транскрипции и трансляции, однако влияние таких структур на процесс сплайсинга до сих пор систематически не изучено. В данной работе был осуществлен сравнительный анализ интронов восьми представителей рода *Drosophila* на предмет наличия в них консервативных комплементарных мотивов, способных формировать стабильные РНК-структуры. Такие мотивы длиной 9 нуклеотидов были найдены в 52 интронах. Для большинства интронов данные участки можно продлить, причем исходный 9-нуклеотидный участок служит «затравкой», от которой расходятся в различной степени протяженные участки вторичной структуры. Для полученного набора интронов был осуществлен поиск альтернативных вторичных структур, т.е. таких, в которых кроме уже найденных комплементарных участков (А и В) имеется третий участок (С), также комплементарный А. Наличие альтернатив было показано для 35 из 52 интронов. Мы предполагаем, что в найденных генах регуляция сплайсинга осуществляется при помощи альтернативных вторичных структур.

02 октября**Четверг****17:15 - 19:00****Постерная сессия****Холл комбината питания****Моделирование стационарных входных потоков данных для стохастических моделей дискретных систем***Анна Шляева***Аннотация:**

В работе рассмотрена задача автоматизации моделирования случайных входных данных для стохастических моделей дискретных систем. В общем случае входное воздействие представляет собой реализацию случайного процесса. Выполнен анализ существующих моделей стационарного случайного процесса: авторегрессионные процессы и процессы скользящего среднего, гамма-процессы, TES (Transform-Expand Sample)-процессы, ARTA (AutoRegressive-To-Anything)-процессы. Для формализации случайного входного процесса выбрана модель ARTA-процесса. Описаны методы оценки параметров и генерации реализации стационарного ARTA-процесса, методы оценки адекватности построенной модели входных данных и их реализация.

Эволюция под отбором: исследование паттерна замен в сайтах сплайсинга*Михаил Гельфанд, Андрей Миронов, Степан Денисов***Аннотация:**

Целью работы было изучить события, происходившие в сайтах сплайсинга начиная от расхождения ветвей человека (*H. sapiens*), мыши (*M. musculus*) и собаки (*C. familiaris*) до настоящего времени отдельно для каждой ветви. Исследуемая выборка содержала ~30000 выравниваний ортологичных донорных сайтов из трех организмов и столько же выравниваний акцепторных сайтов. Для каждой позиции в выравнивании и для каждой ветви строилась матрица замен и исследовались ее свойства. Было показано, что вектора частот нуклеотидов во многих позициях сайтов, наблюдаемые в настоящий момент в геномах этих трех видов существенно отличаются от стационарных векторов соответствующих матриц замен. Мы обнаружили, что зачастую наблюдается уменьшение частоты "мажорных" букв (т.е. букв, частота которых наибольшая в данной позиции). В полипиримидиновом тракте акцепторного сайта происходит "размывание" буквы T, уменьшается частота C в позиции -3. А в донорном сайте наблюдается "размывание" A(+3), A(+4), G(+5) и G(-1). Мы также показали, что имеются различия в эволюции на разных ветвях и в различных группах сайтов, однако общие тенденции сохраняются.

Adaptation to the loss of leader protein by cardiovirus: analysis of compensatory mutations*Peter Lidsky, Ksenia Fominykh***Аннотация:**

Viruses of Picornaviridae family cause severe diseases of humans and animals. Recently, it was found that different picornaviruses may alter nucleo-cytoplasmic transport in the infected cells. Diversity of mechanisms of nucleo-cytoplasmic transport disruption appears to exist among different picornaviruses, so we suggest that such a host-pathogen interaction may confer to the viruses a selective advantage(s). In our investigation, we are attempting to ascertain the biological significance of the virus-induced changes in the nuclear envelope permeability. In our work, we made evolutionary experiment with mutant virus which is not able to disrupt nucleo-cytoplasmic traffic. After some sequential passages, mutant restored activity close to wild-type level without the re-acquisition of capacity to alter nucleo-cytoplasmic traffic. Here, we analyze nucleotide substitutions correlated with this phenotype change.

Изучение регуляции транскрипции в геномах рода *Shewanella* путем автоматического поиска регуляторных мотивов в рамках функциональных подсистем.

Майкл Сиприано, Дмитрий Родионов, Инна Дубчак, Андрей Миронов, Михаил Гельфанд, Елена Ставровская

Аннотация:

В настоящее время изучение бактерий рода *Shewanella* приобрело важное практическое и стратегическое значение. Эти бактерии могут преобразовывать растворимые металлы, такие как уран, в нерастворимые формы. Они могут жить практически везде, как в аэробных так и в анаэробных условиях. Данные бактерии не вызывают заболеваний у человека, животных и других живых организмов. Важным этапом при изучении геномов является определение участков связывания белков-регуляторов - регуляторных сайтов. Наличие общего регуляторного мотива перед генами, вовлеченными в один биологический процесс, говорит об их совместной регуляции. Кроме того, зная биологический процесс, в котором участвуют гены, и глядя на структуру найденного мотива, можно предсказать потенциальный белок, который регулирует эти гены. В данной работе мы исследовали гены из 61 функциональной подсистемы бактерий рода *Shewanella* с помощью автоматического поиска регуляторных мотивов. Результаты, полученные нашим автоматическим методом, коррелируют с результатами аккуратного ручного анализа.

Alternative splicing tends to involve phosphorylation sites

Mikhail Gelfand, Kurmangaliyev Yerbol

Аннотация:

The analysis of high-throughput data on human phosphoproteome from the PHOSIDA database and the data about alternative splicing of human genes from the EDAS database demonstrated that phosphorylated serines and threonines, but not tyrosines tend to occur in alternatively spliced regions. This tendency is weak, but statistically significant and may be explained by structural reasons, as it is known that phosphosites more often occur in protein loops, which, like alternative regions, tend to the protein surface.

Наследственные нарушения слуха: дифференцирование 60 случаев ранней глухоты и тугоухости

Диана Баталова, Валентина Божкова

Аннотация:

Целью работы является создание простой и полезной для клиники системы предварительной диагностики генетических форм нарушений слуха на основе анализа фенотипических признаков. Система позволит установить наследственную природу нарушения и предсказать его наиболее вероятную генную форму. В основу системы положено пошаговое разделение типов с использованием набора ключевых признаков, выбранных на основе анализа электронной базы данных наследственных болезней человека (OMIM). Сведения о фенотипе получены из анкетных данных и анализа родословных. Иерархический процесс организован в виде графа вероятностного прогнозирования. Оценку эффективности системы предполагается провести по совпадению результата предварительной диагностики и данных ДНК-анализа, полученных независимым способом.

Эволюционный анализ генов семейства SSX

Ирена И. Артамонова, Елена Н. Шустрова

Аннотация:

С/Т-антигены – это эндогенные белки организма, которые экспрессируются только в клетках

зародышевого пути и плаценте, а также при развитии некоторых раковых опухолей. Семейство SSX является одним из представителей семейств таких антигенов. В данной работе мы исследовали эволюцию семейства SSX биоинформатическими методами. Локус семейства в геноме человека состоит из 11 генов, расположенных на X-хромосоме двумя отдельными регионами на расстоянии 4 Mb. Сравнение локусов семейства SSX в геномах человека, шимпанзе и мыши позволило выявить точные ортологические соотношения между отдельными генами, описать общую филогению семейства и восстановить эволюционную историю всего локуса в терминах элементарных геномных перестроек.

Использование сравнительной геномики для улучшения достоверности аннотации сигнальных пептидов

Роман Сутормин, Надежда Быкова

Аннотация:

Экспорт белков из цитоплазмы определяется наличием N-концевого сигнального пептида. Данные о сигнальных пептидах широко используются в биотехнологии, а также могут быть использованы при разработке новых лекарств. Задача предсказания сигнальных пептидов пока не имеет удовлетворительного решения из-за отсутствия консервативных позиций в аминокислотной последовательности сигнального пептида и небольшого количества экспериментальных данных. В работе предложен алгоритм корректировки результатов программ предсказания сигнальных пептидов, основанный на гипотезе о консервативности наличия сигнального пептида внутри кластеров белковых ортологов. Предложенный алгоритм позволяет улучшить качество предсказаний как минимум в 1,3 раза.

Эволюционные изменения структуры новой некодирующей РНК человека

Артеми́й Бениаминов, Эрик Вестхоф, Ален Крол

Аннотация:

Многочисленные данные свидетельствуют об огромном разнообразии некодирующих РНК в эукариотах. Недавно обнаруженная новая некодирующая РНК HAR1 (Human Accelerated Region1) экспрессируется специфично в коре головного мозга человека. Участок генома, кодирующий РНК HAR1, высоко консервативен среди млекопитающих, эволюционировал наиболее быстро после расхождения общего предка человека и шимпанзе. Ферментативный и химический пробинги РНК HAR1 позволили нам установить вторичную структуру РНК, отличную от предложенной ранее. Кроме того мы обнаружили, что нуклеотидные различия обуславливают образование различных структур РНК HAR1 человека (клеверный лист) и шимпанзе (вытянутая шпилька). Таким образом, эволюционные изменения проявились в значительной перестройке структуры РНК HAR1.

Предсказание сайтов регуляции рибосомальных генов в бактериях

Алексей Витрещак, Михаил Гельфанд, Светлана Петрова

Аннотация:

Бактерии используют различные регуляторные механизмы для контроля экспрессии генов. Один из важных механизмов регуляции генов связан с образованием вторичной структуры мРНК в регуляторной (или лидерной) области гена. Регуляция генов вторичными структурами мРНК, в отличие от многих подобных механизмов, имеется как у бактерий, так и у эукариот (Nomura, 1999). Рибосомальный белок связывается с регуляторным сайтом мРНК, имитирующим сайт связывания рибосомального белка с рибосомой. При связывании запирается сайт инициации трансляции и рибосомальные гены не экспрессируются. Мы предсказали оперонные структуры и регуляторные сигналы для 6 оперонов: rpsO (S15), alpha ,sps (S8), S10 (L4), L11 (L1), Beta (L10) для 16 гамма-протобактерий при помощи программ GenomeExplorer (Mironov, 2000), Operon

(Витрещак, unpublished), ClustalW (Thompson, 1997), mfold(Zuker, 2003), и Multal(Mironov, unpublished). Кроме того, мы изучили эволюцию сигналов, регулирующих рибосомальные гены на далеких эволюционных расстояниях. В частности, для L11 мы нашли подобную консервативную структуру у альфа-, бета- и гамма-протобактерий, а также у грамположительных бактерий. Данный регуляторный сайт не был найден у цианобактерий, дельта- и эписон-протобактерий, Bacteroidetes. Вполне возможно, что в результате структурных перестроек оперона этот сигнал локализуется в другом месте. Так, например, для архей известно, что гены *gplK* и *gplA*, составляющие L11 оперон у *E.coli*, в археях расположены на значительном расстоянии друг от друга и искомым сигнал лежит в начале гена *gplA*.

Роль структурной организации ЭЭГ-информации при выявлении патогенетического механизма алалии

Ирина Лукашевич, Светлана Перемячкина, Софья Попова

Аннотация:

Алалия – системное недоразвитие речи у детей, при котором нарушаются все компоненты речи. Причинами алалии как по нашим, так и по литературным данным являются перинатальные осложнения. Наши исследования показали, что в первую очередь к ним относятся факторы риска при внутриутробном развитии плода. Патогенетические механизмы этого речевого синдрома до сих пор не изучены. Мы исследовали 24 электроэнцефалограммы (ЭЭГ) детей с алалией в возрасте от 3 до 5,5 лет. Описание ЭЭГ проведено с помощью экспертной системы «ЭЭГ-ЭКСПЕРТ». В основу системы положена структурно-организованная схема представления ЭЭГ-информации. Схема отличается полнотой описания и универсальностью, а также включает возрастные критерии. Сравнение полученных результатов с нашим исследованием ЭЭГ-данных больных с сосудистой патологией зрительного бугра, позволило высказать предположение, что основным патогенетическим механизмом алалии является левостороннее поражение структур, связанных с генерацией альфа-ритма – задними отделами таламуса и коры.

Функциональная классификация генов полных бактериальных геномов на основе базы данных Clusters of Orthologous Groups (COG)

Марат Казанов

Аннотация:

Гены полных бактериальных геномов кластеризованы в группы ортологов согласно классификации базы данных COG при помощи специально разработанного программного обеспечения. Классификация выполнялась на основе анализа результатов поиска гомологичных белковых последовательностей относительно базы данных COG при помощи алгоритма BLASTP. Всего было классифицировано более двух миллионов генов из 623-х полных бактериальных геномов. Проведен сравнительный анализ распределений генов по функциональным категориям. Полученная база данных предоставляется по запросу.

Корреляции между аминокислотными последовательностями транскрипционных регуляторов суперсемейства CRP-FNR и нуклеотидными последовательностями их операторов.

Desislava Miteva, Vita Stepanova

Аннотация:

Определены статистически значимо скоррелированные позиции выравнивания ДНК-связывающих белков суперсемейства CRP-FNR и выравнивания их сайтов связывания. Наиболее скоррелированными являются позиции 180=>7/-7, 181=>5/-5 (нумерация а.о. ведется по Str_Ecoli; нумерация нуклеотидов относительно центра палиндрома). Эти пары соответствуют описанным в литературе распознающим контактам. Кроме них еще скоррелированы пары 190=>7/-7, 183=>3 и 176=>3 функциональная роль которых не ясна, но можно сделать предположение о том, что а.о. в этих позициях определяют общее положение распознающей спирали относительно ДНК.

Кислород-зависимая регуляция азотфиксации: исследование методами сравнительной геномики*Дмитрий Равчеев, Евгения Климова***Аннотация:**

Зотфиксация представляет собой процесс превращения молекулярного азота в ионы аммония, которые впоследствии включаются в органические соединения клетки. Данный процесс достаточно широко таксономически распространен среди бактерий и архей, однако до сих пор его изучение было ограничено лишь несколькими модельными организмами. Наиболее хорошо азотфиксация исследована для бактерий порядка Rhizobiales. Центральный фермент азотфиксации, нитрогеназа, крайне чувствителен к присутствию молекулярного кислорода. По этой причине существует система регуляции азотфиксации, сигналом для которой является наличие молекулярного кислорода. В частности, ответ на присутствие кислорода на уровне экспрессии генов осуществляется гомологичными факторами транскрипции FnrN и FixK. В настоящей работе FnrN- и FixK-зависимая регуляция генов азотфиксации в Rhizobiales была исследована методами сравнительной геномики.

Комплексная регуляция дыхания бактерий: исследование методами сравнительной геномики*Дмитрий Равчеев***Аннотация:**

Многие прокариотические организмы, например *Escherichia coli*, могут использовать различные субстраты для дыхания, что позволяет им существовать в широком диапазоне условий. Подобная приспособленность обеспечивается за счет наличия множества различных дыхательных цепей а также сложной системы регуляции дыхания. Однако, несмотря на значимость данного вопроса, исследования регуляции дыхания к настоящему проводились лишь для некоторых организмов. В настоящей работе было проведено комплексное исследование регуляции дыхания в гамма-протеобактериях. Для этого были рассмотрены три глобальные регуляторы дыхания: белки Fnr и ArcA, отвечающие за переключение между аэробным и анаэробным метаболизмом и белок NarP, контролирующий нитрат-нитритное дыхание. В ходе работы были изучены Fnr-, ArcA- и NarP-регулоны в 10 видах бактерий, относящихся к трем порядкам. Для каждого из трех регуляторов были найдены новые потенциально регулируемые гены. Также был показан ряд таксон-специфических перестроек регуляторных каскадов, и были обнаружены изменения в составе регулонов, коррелирующие с этими перестройками.

Тираж 150 экз.
Отпечатано в ИППИ РАН
г.Москва, Большой каретный пер., 19, стр.1
тел. (495) 650-4225
<http://www.iitp.ru/>