

УЧРЕЖДЕНИЕ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК
ИНСТИТУТ ПРОБЛЕМ ПЕРЕДАЧИ ИНФОРМАЦИИ РАН им. А.А. ХАРКЕВИЧА

КОНФЕРЕНЦИЯ МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ И СПЕЦИАЛИСТОВ

Информационные технологии и системы ИТиС'10

ПРОГРАММА



г.Геленджик,
20 сентября – 24 сентября 2010 г.

Информационные технологии и системы (ИТиС'10):
программа конференции. – М.: ИППИ РАН, 2010. – 36с.

Издание содержит программу конференции молодых ученых и специалистов «Информационные технологии и системы 2010» (ИТиС'10), ежегодно организуемой Советом молодых ученых и специалистов ИППИ РАН.

Основная цель конференции ИТиС – дать возможность молодым ученым из сильнейших научных центров познакомиться друг с другом, обменяться опытом научной работы и обсудить актуальные задачи в самых разных областях, связанных с информационными технологиями: технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных; информационные технологии и проблемы управления в сложных системах и сетях; математическая теория информации и управления, многокомпонентные случайные системы; передача, защита и обработка информации; компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка; обработка изображений; информационные процессы в живых системах; биоинформатика; алгебра, логика и теория чисел.

В 2010 году конференция ИТиС собрала более 130 участников из сильнейших институтов и университетов, в том числе МГУ, МФТИ (ГУ), НИЯУ МИФИ, ИППИ РАН, ИВМ СО РАН, ИОГен РАН, ИПУ РАН, ИСА РАН, ИРЯ РАН, МГЛУ, МГНЦ, МГТУ им. Н.Э. Баумана, НГУ, ННГУ им. Лобачевского, РГПУ им. А.И.Герцена, НИИР, ИФХБ, ВНИИФК, БГУ, Lawrence Berkeley National Laboratory, Technischen Universität München (TUM), Johns Hopkins University, Dana-Farber Cancer Institute, Howard Hughes Medical Institute, IRMAR, Burnham Institute for Medical Research, Stowers Institute for Medical Research, RI Genetika и Лаборатории комбинаторных и вероятностных методов компании Яндекс.

Конференция проводится при финансовой поддержке ИППИ РАН и Президиума РАН. Мы благодарим наших информационных партнеров:

conews



Краткая программа

Воскресенье, 19 сентября			
13:00 15:00	Обед		
19:00 20:00	Ужин		
Понедельник, 20 сентября			
8:00 9:00	Завтрак		
9:00 10:00	Открытие конференции. Приветственное слово директора ИППИ РАН член-корр. РАН А.П. Кулешова <i>Большой конференц-зал</i>		
10:00 10:55	Пленарный доклад <i>Теоретическая лингвистика и практическая лексикография</i> академик РАН Ю.Д. Апресян <i>Большой конференц-зал</i>		
10:55 11:50	Пленарный доклад <i>Теоретико-графовые методы анализа данных в Интернете: Веб-графы и их моделирование.</i> д. ф.-м. н. А. М. Райгородский <i>Большой конференц-зал</i>		
11:50 12:10	Кофе-пауза		
12:10 14:00	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="width: 50%; padding: 5px;"> Сессия 1 Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 1 </td> <td style="width: 50%; padding: 5px;"> Сессия 2 Большой конференц-зал Биоинформатика - 1 </td> </tr> </table>	Сессия 1 Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 1	Сессия 2 Большой конференц-зал Биоинформатика - 1
Сессия 1 Малый конференц-зал Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 1	Сессия 2 Большой конференц-зал Биоинформатика - 1		
14:00 15:00	Обед		
15:00 16:50	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="width: 50%; padding: 5px;"> Сессия 3 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 1 </td> <td style="width: 50%; padding: 5px;"> Сессия 4 Большой конференц-зал Биоинформатика - 2 </td> </tr> </table>	Сессия 3 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 1	Сессия 4 Большой конференц-зал Биоинформатика - 2
Сессия 3 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 1	Сессия 4 Большой конференц-зал Биоинформатика - 2		
16:50 17:10	Кофе-пауза		
17:10 19:00	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="width: 50%; padding: 5px;"> Сессия 5 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 2 </td> <td style="width: 50%; padding: 5px;"> Сессия 6 Большой конференц-зал Биоинформатика - 3 </td> </tr> </table>	Сессия 5 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 2	Сессия 6 Большой конференц-зал Биоинформатика - 3
Сессия 5 Малый конференц-зал Передача, защита и обработка информации - 2	Сессия 6 Большой конференц-зал Биоинформатика - 3		
19:00 20:00	Ужин		

Вторник, 21 сентября							
8:00 10:00	Завтрак						
10:00 10:55	Пленарный доклад <i>Лекция: Метамоделирование и интеллектуальный анализ данных</i> член-корр. РАН А. П. Кулешов <i>Большой конференц-зал</i>						
10:55 11:50	Пленарный доклад <i>Теоретико-графовые методы анализа данных в Интернете:</i> <i>Отыскание «неестественных» структур в веб-графах.</i> д. ф.-м. н. А. М. Райгородский <i>Большой конференц-зал</i>						
11:50 12:10	Кофе-пауза						
12:10 14:00	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Сессия 7</th> <th>Сессия 8</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Малый конференц-зал</td> <td>Большой конференц-зал</td> </tr> <tr> <td>Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 2</td> <td>Информационные процессы в живых системах - 1</td> </tr> </tbody> </table>	Сессия 7	Сессия 8	Малый конференц-зал	Большой конференц-зал	Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 2	Информационные процессы в живых системах - 1
Сессия 7	Сессия 8						
Малый конференц-зал	Большой конференц-зал						
Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных - 2	Информационные процессы в живых системах - 1						
14:00 15:00	Обед						
15:00 19:00	Турнир по волейболу						
19:00 20:00	Ужин						

Среда, 22 сентября		
8:00 10:00	Завтрак	
10:00 10:55	Пленарный доклад <i>Ко-эволюция взаимодействующих белков и ДНК</i> д. б. н., к. ф.-м. н. М. С. Гельфанд <i>Большой конференц-зал</i>	
10:55 11:50	Пленарный доклад <i>Клеточные основы поведения</i> д. б. н. Ю. В. Панчин <i>Большой конференц-зал</i>	
11:50 12:10	Кофе-пауза	
12:10 14:00	Сессия 9 Малый конференц-зал Теория информации, теория управления и многокомпонентные сложные системы - 1	Сессия 10 Большой конференц-зал Информационные процессы в живых системах - 2
14:00 15:00	Обед	
15:00 16:50	Сессия 11 Малый конференц-зал Теория информации, теория управления и многокомпонентные сложные системы - 2	Сессия 12 Большой конференц-зал Биоинформатика - 4
16:50 17:15	Кофе-пауза	
17:15 19:00	Сессия 13 Малый конференц-зал Теория информации, теория управления и многокомпонентные сложные системы - 3	Сессия 14 Большой конференц-зал Биоинформатика - 5
19:00 20:00	Ужин	
0:00 01:00	Турнир по боулингу	

Четверг, 23 сентября		
8:00 10:00	Завтрак	
10:00 11:50	Сессия 15 Малый конференц-зал Компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка	
11:50 12:10	Кофе-пауза	
12:10 14:00	Сессия 16 Малый конференц-зал Обработка изображений - 1	Сессия 17 Большой конференц-зал Биоинформатика - 6
14:00 15:00	Обед	
15:00 16:50	Сессия 18 Малый конференц-зал Обработка изображений - 2	Сессия 19 Большой конференц-зал Биоинформатика - 7
16:50 17:10	Кофе-пауза	
17:10 19:00	Сессия 20 Малый конференц-зал Информационные технологии в сложных системах	Сессия 21 Большой конференц-зал Биоинформатика - 8
20:00 24:00	Закрытие конференции, банкет	

Пятница, 24 сентября		
8:00 10:00	Завтрак	
10:00 13:00	Свободное время	
13:00 15:00	Обед	
15:00 ...	Отъезд	

Полная программа

20 сентября
Понедельник
10:00 - 10:55

Пленарная лекция

Большой конференц-зал

Теоретическая лингвистика и практическая лексикография

академик РАН Ю. Д. Апресян

Аннотация

В докладе на общедоступном языковом материале рассматриваются четыре теоретических принципа, которые, по мнению автора, должны быть положены в основу практической лексикографической работы: а) установка на реконструкцию языковой картины мира; б) интегральность (согласованность грамматического и лексикографического описаний языка); в) установка на обнаружение системных явлений в области лексики (лексикографических типов); г) активность (сообщаемой лингвистической информации должно быть достаточно не только для понимания слова в произвольном контексте, но и для его правильного употребления в собственной речи говорящих). Делается вывод, что словарь, составленный в соответствии с этими принципами, может выполнять три полезные функции: 1) быть компонентом полного лингвистического описания, моделирующего языковую компетенцию говорящих, т.е. феномен владения языком; 2) быть справочным пособием для активного изучения лексики; 3) служить, в режиме обратной связи, эмпирическим материалом для коррекции исходной лингвистической теории.

20 сентября
Понедельник
10:55 - 12:00

Пленарная лекция

Большой конференц-зал

Теоретико-графовые методы анализа данных в Интернете: веб-графы и их моделирование.

д. ф.-м. н А.М. Райгородский

Аннотация

Будет рассказано о различных теоретико-графовых интерпретациях веба. Будут представлены эмпирические характеристики веб-графа (предпочтительное присоединение, малый диаметр, распределение степеней вершин и т.д.). Будет описано несколько моделей случайного веб-графа, которые хорошо коррелируют с эмпирическими наблюдениями.

20 сентября
Понедельник
12:10 - 14:00

Сессия 1: Технологии, стандарты и протоколы сетей передачи данных – 1

Малый конференц-зал

Председатель секции: к. т. н. Д. Н. Мацнев

Обобщенная модель алгоритма изменения размера конкурентного окна в сетях IEEE 802.11

А. И. Ляхов (ИППИ РАН), Ю. И. Мороз (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе предлагается обобщенная аналитическая модель, позволяющая оценивать пропускную способность беспроводной локальной сети под управлением протокола IEEE 802.11 при различных алгоритмах изменения конкурентного окна. В качестве примеров показана работа обобщенной модели для некоторых существующих алгоритмов изменения окна.

Анализ эффективности протокола OLSR в канале 5МГц

А. А. Сафонов (ИППИ РАН), Е. М. Хоров (ИППИ РАН), А. Н. Красилов (ИППИ РАН)

Аннотация

Начатый недавно переход на цифровое телевизионное вещание высвобождает диапазоны частот ниже 1 ГГц. Вопрос использования этих частот беспроводными сетями построенными на базе WiFi уже изучается группой IEEE 802.11af комитета по стандартам IEEE 802 LMSC. Особый интерес представляет возможность работы в освободившемся диапазоне получивших широкую популярность многошаговых беспроводных сетей, построенных на базе WiFi: MANET и mesh-сетей, в работе которых важная роль отведена протоколу маршрутизации пакетов. В данной работе исследуется эффективность популярного протокола маршрутизации OLSR в сети WiFi, работающей на центральной частоте 400 МГц в канале шириной 5 МГц. В работе введены оригинальные показатели эффективности протокола маршрутизации, такие как доступность услуги маршрутизации и стоимость оказания этой услуги, представляющие интерес для исследователей и инженеров для настройки протокола. Определена область применимости протокола OLSR, используемого с параметрами по умолчанию, которая оказывается не слишком большой, особенно в случае мобильных сетей и в сетях с высокой загрузкой. Наконец, сформулированы гипотезы о возможных изменения значений параметров OLSR, которые могут расширить область применимости этого протокола.

Методы исследования переходных характеристик протокола OLSR при включении/выключении узла сети

А. Кирьянов (ИППИ РАН), А. Сафонов (ИППИ РАН), Е. Хоров (ИППИ РАН)

Аннотация

Протокол OLSR маршрутизации в сетях MANET оказывается неэффективным при высокой мобильности сети. Многочисленные исследования протокола так и не ответили на вопрос, почему это происходит, и каким образом надо изменить протокол, чтобы он работал эффективно в мобильных сетях. В работе вводится оригинальная классификация ошибок маршрутизации и предлагается метод исследования протокола, основанный на наблюдении процессов, происходящих при изменении топологии сети. Этот метод позволяет ответить на первый вопрос и частично отвечает на второй.

Анализ эффективности методов оптимизации рассылки сетевой информации в сетях MANET

П. Некрасов (ИППИ РАН), А. Сафонов (ИППИ РАН), Е. Хоров (ИППИ РАН)

Аннотация

Масштабируемость сетей MANET существенно ограничивается увеличением объема передаваемой в сети служебной информации. Служебный трафик загружает сеть, что само по себе снижает возможность сети передавать пользовательские данные. Кроме того, вместе с увеличением объема служебного трафика растет вероятность коллизий и число переповторов одного и того же пакета, а значит, увеличиваются накладные расходы на доставку пакета от источника до конечного получателя. Для проактивных протоколов маршрутизации класса link state hop-by-hop с пошаговым определением маршрута известны методы MPR и FS, оба нацеленные на уменьшение объема служебного трафика, но разными способами. Насколько нам известно, все проводимые до сих пор исследования эффективности этих методов ограничиваются оценкой собственно числа служебных пакетов, передаваемых в сети в единицу времени, предполагая явно или неявно, что снижение числа служебных сообщений не снижает надежности и качества построенных маршрутов (их близости к оптимальным по какому-либо критерию) и, в конечном счете, увеличивает доступность услуг по передаче данных, предоставляемых сетью. Таким образом, вопрос качества маршрутизации при применении методов MPR и FS в этих исследованиях фактически остается нераскрытым. В данной работе анализируется влияние методов MPR и FS (каждого по отдельности и обоих сразу) на работу сети, передающей голосовой трафик, и определяются оптимальные значения интенсивности рассылки сетевой информации, максимизирующие среднюю доступность услуги по передаче голосового трафика в сети.

Многоадресная рассылка с подтверждениями

А. В. Коваленко (ИППИ РАН), А. М. Цыганова (ИППИ РАН)

Аннотация

В данной статье рассматривается надежная многоадресная рассылка в беспроводной меш-сети. Были рассмотрены варианты реализации надежной рассылки с помощью протоколов, строго гарантирующих доставку сообщений получателям рассылки, вероятностных протоколов, в которых доставка сообщений осуществляется с некоторой вероятностью, а так же гибридных протоколов. Было предложено учитывать факт частой корреляции ошибок в меш-сети и протокол, реализующий новый метод опроса получателей рассылки а так же произведена аналитическая оценка задержек, возникающих в этом случае, как важного параметра для многих категорий трафика.

20 сентября

Понедельник

12:10 - 14:00

Большой конференц-зал

Сессия 2: Биоинформатика - 1

Председатель секции: д. б. н. М. С. Гельфанд

Выступление д. б. н. М. С. Гельфанда

Лекция: Роль РНК в регуляции на уровне хроматина

д.б.н. проф. А.А. Миронов

Аннотация

Будут представлены некоторые примеры регуляции структуры хроматина с помощью некодирующих РНК. В начале будут описаны основные действующие лица - хроматин, гистоны, модификации гистонов а также будет дан краткий обзор типов некодирующих РНК. Далее будут описаны некоторые частные системы. В частности будет описана система XIST, генный импринтинг некоторых генов человека, роль РНК в регуляции сплайсинга через структуру хроматина. Эта область в настоящее время активно развивается, тем не менее в ней множество интригующих вопросов. Практически каждая работа в этой области заканчивается словами, что есть эффект, но как это работает не понятно. Обзор основан на анализе работ 2009-2010 годов

Functional similarity and chimeric transcripts in spatially close genome domains

E. Khrameeva, A. Mironov, M. Gelfand

Abstract

Recent progress in determination of 3D structure of nuclear chromatin allows one to study correlations between spatial proximity of genome domains and their functional state. We combined the data from (Lieberman-Aiden et al. 2009) with the results of several high-throughput studies of the chromatin functional state. All pairs of regions from different chromosomes were divided into groups according to their proximity, and the distribution of various chromatin marks was calculated within these groups and then compared between the groups. The results show that, indeed, gene regions that are spatially close tend to have similar patterns of histone modifications (Encode 2004), methylation state (Encode 2004), open or closed chromatin state (Encode 2004), and expression level (Lieberman-Aiden et al. 2009). The latter finding does not repeat the result of (Lieberman-Aiden et al. 2009), since that study divided the genome into two domains (compact and diffuse) and reported the difference in the expression level of genes in these domains, whereas we directly tested similarity in the expression level of spatially proximal genes from different chromosomes. We also analyzed chimeric transcripts as determined by genome mapping of paired-read RNA-Seq data (Xu et al. 2010 and Berger et al. 2010) and observed that the frequency of pairs mapping to two different genome loci is higher among spatially proximal regions. This could be caused by (at least) two reasons: trans-splicing and genome rearrangement compared to the reference genome (either somatic recombination or allelic forms). To test these possibilities we analyzed the data on genome transchromosomal rearrangements (Kidd et al. 2008) and demonstrated that again the number of chimeric pairs is higher among spatially close regions, although the effect is weaker than the one observed in the transcriptomic data. Hence, there remains a possibility that the additional chimeras indeed originate from trans-splicing. Taken together, these results seem to demonstrate the presence of co-regulated genome domains formed by regions of different chromosomes.

20 сентября

Понедельник

15:00 - 16:50

Малый конференц-зал

Сессия 3: Передача, защита и обработка информации - 1

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

Об одном механизме увеличения скорости передачи данных в системе множественного доступа, использующей динамически выделяемые частотные поддиапазоны и частотно-позиционную модуляцию

Ф. В. Грошев (ИППИ РАН), Д. С. Осипов (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе рассматривается система множественного асинхронного доступа, использующая динамически выделяемые частотные поддиапазоны и частотно-позиционную модуляцию (Dynamic Hopset Allocation Frequency Hopping OFDMA) и пороговый прием. Рассмотрен механизм увеличения скорости передачи за счет выделения каждому из пользователей нескольких непересекающихся кодовых последовательностей. Оценивается влияние использования такого механизма как на максимально возможную скорость надежной передачи одного пользователя, так и на аналогичный показатель для системы в целом. Кроме того, проведено сравнение с другим механизмом увеличения скорости передачи данных: увеличением мощности алфавита модуляции.

Оценивание в графе Таннера числа ребер с заданными свойствами

В. В. Зяблов (ИППИ РАН), П. С. Рыбин (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе представлен метод оценки числа ребер с заданными свойствами в графе Таннера двоичного МПП-кода, основанный на методах, разработанных В.В. Зябловым и М.С. Пинскером в работе 1975г. Показано, что данный метод позволяет улучшить оценку доли ошибок, гарантированно исправимых итеративным алгоритмом декодирования, аналогичным предложенному в указанной выше работе. Получены численные результаты для двоичного МПП-кода с компонентным кодом с проверкой на четности и кодом Хэмминга. Проведен сравнительный анализ с результатами, полученными ранее.

Исследование корректирующих свойств МПП-кодов с кодом-компонентом Рида-Соломона

В. В. Зяблов (ИППИ РАН), А. А. Фролов (ИППИ РАН)

Аннотация

Рассматриваются МПП-коды с кодом-компонентом Рида-Соломона. Код-компонент имеет минимальное кодовое расстояние $d = 4$. Описан мажоритарный итеративный алгоритм декодирования с жестким решением. Показано, что при таком алгоритме декодирования в ансамбле случайных МПП-кодов существуют коды, способные исправить линейно растущее с длиной кода число ошибок. Приведены сравнения полученных теоретических и практических оценок корректирующей способности таким образом построенных кодов с теоретическими и практическими оценками для МПП-кодов с кодом-компонентом Рида-Соломона меньшей избыточности.

Декодирование Q-ных плетеных сверточных МПП-кодов

В. В. Зяблов (ИППИ РАН), К. А. Кондрашов (ИППИ РАН)

Аннотация

Рассматриваются два q-ных плетеных сверточных кода с малой плотностью проверок (П-СМПП) с двумя и четырьмя кодами-компонентами Рида-Соломона. Исследуются корректирующие способности при жестком декодировании мажоритарным алгоритмом и алгоритмом с введением стираний.

Подкоды кода Рида-Соломона со словами без совпадающих символов

А. А. Давыдов (ИППИ РАН), В. В. Зяблов (ИППИ РАН), Р. Э. Каллимулин (ИППИ РАН)

Аннотация

Рассматриваются последовательности, в которых каждый символ алфавита встречается не более одного раза. Наборы таких последовательностей строятся как нелинейные подкоды q -ичного кода Рида-Соломона длины $n \leq q$, состоящие из слов без совпадающих символов. Используется понятие связок линейного кода. Для размерности $k \leq 3$ проведено построение подкодов с различными длинами для заданного варианта задания кода Рида-Соломона, а также проведено сравнение результатов с ранее полученными для других вариантов. Также исследуется спектр расстояний в связках со словами без совпадающих символов.

20 сентября

Понедельник

15:00 - 16:50

Сессия 4: Биоинформатика - 2

Большой конференц-зал

Председатель секции: д. б. н. М. С. Гельфанд

Предсказание и анализ консервативных транскрипционных регуляторных областей в геномах рода *Drosophila*

А. Никулова (МГУ им. М. В. Ломоносова), А. Миронов (ИППИ РАН), А. Фаворов (ГосНИИгенетика)

Аннотация

Для понимания регуляции транскрипции генов необходимо знать закономерности, лежащие в основе группировки сайтов связывания факторов транскрипции и формирования тканеспецифичных регуляторных элементов. В данной работе мы попытались выявить консервативные правила взаиморасположения сайтов в регуляторных областях генов развития *Drosophila*, сравнить структуру регуляторных участков разных генов и выявить сходно регулирующиеся гены.

Разработка уточненных методов картирования коротких фрагментов последовательностей на геномы эукариот.

Д. Малько (ГосНИИгенетика), Е. Михайлина (НИИ "Полус")

Аннотация

Интенсивное развитие массовых методов секвенирования геномных последовательностей стимулирует разработку новых и оптимизацию существующих методов картирования коротких фрагментов последовательностей на геномы эукариот. В настоящей работе исследована точность различных методов картирования данных Solexa/Illumina на геномы трех мух рода *Drosophila* и проведена оценка видоспецифичности уровня покрытия короткими фрагментами различных участков белок-кодирующих генов.

Эволюция альтернативного сплайсинга в близких видах дрозофил по данным массового секвенирования транскриптома

Е. Ермакова (ИППИ РАН)

Транскриптом гречихи

Д. Виноградов (ИППИ РАН)

Эволюция экзон-интронной структуры инфузорий

В. Закирзянова (ИППИ РАН)

Эволюция сайтов сплайсинга

С. Денисов (Howard Hughes Medical Institute)

Положительный отбор в альтернативно сплайсируемых областях

А. Заика (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Analysis of Codon Usage Bias on a Genome-wide Scale

Dmitriy Vinogradov (IITP RAS), Svetlana Vinogradova (MSU), Andrew Mironov (IITP RAS)

Abstract

Synonymous codons for aminoacids are not used with equal frequency. Synonymous mutations are usually referred to as “silent,” but increasing evidence shows that they experience significant selection pressures in a wide range of organisms. Selection for translational efficiency may reflect selection for rapid translation (speed selection), selection for translation with high fidelity (accuracy selection), or both. Our aim was to analyze the codon usage variation on a genome-wide scale in order to test whether codon usage bias can be explained by selection pressure or by stochastic reasons.

20 сентября

Понедельник

17:10 - 19:00

Малый конференц-зал

Сессия 5: Передача, защита и обработка информации - 2

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

Кодовая конструкция для систем ММО, основанная на подмножестве строк матрицы Адамара

А. А. Крещук (ИППИ РАН)

Аннотация

В данной работе предлагается новая кодовая конструкция для систем с несколькими передающими антеннами и несколькими принимающими (ММО). Благодаря использованию строк матрицы Адамара данный код является в некотором смысле ортогональным. Данный код не является строго алгебраически декодируемым, однако при отсутствии глубоких замираний на каждом канале его можно однозначно декодировать. Кроме того, учёт ортогональности позволяет ускорить декодирование методом максимального правдоподобия.

Декодирование трехмерных обобщенных кодов с локализацией ошибок.

В.В. Зяблов (ИППИ РАН), И. Г. Кобозева (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе рассмотрен алгоритм декодирования трехмерных обобщенных кодов с локализацией ошибок. Получены результаты моделирования для кодов длиной 4096, также было проведено сравнение полученных данных с результатами теоретических расчетов и с результатами для обычных кодов с локализацией ошибок.

Линейные искажения в цифровом спутниковом канале передачи данных с аддитивным белым гауссовским шумом.

А.Л. Шишкин (ФГУП НИИР), М.А. Карнова (ФГУП НИИР)

Аннотация

В работе рассматриваются линейные искажения, вносимые в спутниковый канал передачи данных на этапе фильтрации сигнала на борту космического аппарата. Представлено разложение таких искажений на тривиальные классы, получен нелинейный закон сложения потерь от искажений из разных классов в суммарные потери. Объяснены причины возникновения межсимвольной интерференции при линейных искажениях. Получено приближенное аналитическое выражение для влияния искажений некоторого класса фильтров на комплексную огибающую цифрового сигнала. На основе полуаналитической модели в среде MATLAB создана программа расчета потерь от широкого диапазона линейных искажений при различных видах модуляции сигнала. Дано обоснование применению результатов этих расчетов к каналам с помехоустойчивым кодированием.

20 сентября

Понедельник

17:10 - 19:00

Сессия 6: Биоинформатика - 3

Большой конференц-зал

Председатель секции: д. б. н. М. С. Гельфанд

Геномика гонококков

И. Артамонова (ИППИ РАН)

Эволюция бактериальных пангеномов

Е. Н. Гордиенко (ИОГен РАН)

Аннотация

С увеличением количества полностью секвенированных геномов бактерий появляется возможность проводить сравнения групп штаммов друг с другом. При этом обнаруживается, что внутривидовое разнообразие состава генома довольно велико. В работе описан подход к оценке эволюционных расстояний между группами штаммов, входящих в три рода семейства Энтеробактерий, на основе сравнения состава геномов. Оценена вариабельность геномного состава для проанализированных штаммов и проведена функциональная категоризация генов, обеспечивающих такую вариабельность.

Горизонтальные переносы и эволюция геномов метаносарцин

С. Гарушянц (ИППИ РАН)

Эволюция штаммов бактерий и геномные перестройки

О. Бочкарева (МФТИ ГУ)

Изучение эволюции геномных локусов углеводного метаболизма у бактерий

А. Казнадзей (ИППИ РАН)

Аннотация

Целью данной работы является исследование эволюционных особенностей геномных локусов, относящихся к углеводному метаболизму бактерий. В состав локуса, ответственного за метаболизм каждого конкретного сахара или группы сахаров, входит ряд генов, кодирующих белки, которые участвуют в биохимических превращениях углеводов, таких как фосфорелирование, гидролиз, изомеризация, а также трансмембранные переносчики и регуляторы транскрипции. Сравнение распределений семейств и подсемейств белков разных функциональных классов по бактериальному филогенетическому дереву позволяет обнаруживать комбинации эволюционно совместимых групп и оценивать степень функциональной совместимости их представителей.

Эволюционные перестройки локусов, регулируемых факторами транскрипции семейства LacI.

З. Червонцева (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Аннотация

Работа посвящена описанию перестроек в положении генов факторов транскрипции и регулируемых оперонов в локусах метаболизма сахаров, регулируемых факторами транскрипции семейства LacI.

Эволюция регуляторных взаимодействий в бактериях

О. Цой (ИППИ РАН), И. Остерман (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Аннотация

Растущее количество данных и экспериментальных методик позволяет изучать организмы в контексте целых сетей, а не отдельных функциональных систем. Сеть транскрипционных факторов и сайтов связывания представляет значительную часть этой сети. Ранее были замечены мотивы, которые часто встречаются в таких сетях, и одним из наиболее распространенных является так называемый «треугольник». Изучение таких мотивов представляется интересным уже не в рамках отдельных организмов, а в ряду близко родственных геномов, что позволит проследить за особенностями их эволюции.

21 сентября

Вторник

10:00 - 10:55

Большой конференц-зал

Пленарная лекция

Метамоделирование и интеллектуальный анализ данных

член-корр. РАН А.П. Кулешов

Аннотация

Предсказательное моделирование, основанное на численном решении сложных дифференциальных уравнений с граничными условиями, описывающих физические феномены, происходящие с исследуемым объектом в различных условиях, часто является достаточно трудоемким и не позволяет проводить массовые вычислительные эксперименты для анализа и оптимизации объекта. В последние годы появилось новое направление в моделировании, в котором по данным - результатам экспериментов с некоторой исходной моделью - строится новая модель, имеющая ту же структуру входных и выходных данных, обеспечивающая близость результатов обеих моделей для одних и тех же значений входных данных, но обладающая существенно более высоким быстродействием. В этом случае новая модель может заменить исходную модель, и поэтому называется суррогатной моделью или метамоделью (моделью над моделью).

Метамодели строятся по данным, поэтому многие проблемы, которые необходимо для этого решать, формулируются в терминах анализа данных. Однако в процессе построения и использования метамodelей необходимо взаимосвязано решать различные задачи анализа данных - такие как определение внутренней размерности множества данных, построение процедур снижения размерности, построение многомерных аппроксимирующих зависимостей, кластеризация и классификация данных и др. При этом выходные данные одной задачи являются входными данными для другой задачи, и целевые функции для частных задач нельзя определить независимо. Существенной особенностью решаемых задач является также тот факт, что многомерные данные лежат, как правило, вблизи нелинейных многообразий существенно меньшей размерности (по сравнению с размерностью исходных данных). Сами постановки возникающих задач анализа данных, как правило, имеют нетрадиционные постановки, обобщающие классические постановки аналогичных математических задач, что требует разработки новых или усовершенствовании существующих методов анализа данных.

21 сентября

Вторник

12:15 - 14:00

Большой конференц-зал

Пленарная лекция

Теоретико-графовые методы анализа данных в Интернете: Отыскание «неестественных» структур в веб-графах.

д. ф.-м. н А.М. Райгородский

Аннотация

Прежде всего речь пойдет о так называемых «ссылочных кольцах» и алгоритмах их отыскания в веб-графе. Также будет рассказано о статистических методах разделения естественных и неестественных структур. В том числе эти методы будут основаны на построенных в части 1 моделях и их вероятностных характеристиках.

21 сентября

Вторник

12:10 - 14:00

Малый конференц-зал

**Сессия 7: Технологии, стандарты и протоколы
сетей передачи данных - 2**

Председатель секции: к. т. н. Д. Н. Мацнев

Оптимальный речевой кодек для VoIP в децентрализованных беспроводных сетях на основе WiFi (ИППИ РАН)

А. Адов (ИППИ РАН), К. Андреев (ИППИ РАН), П. Бойко (ИППИ РАН)

Аннотация

Обсуждается вопрос оптимального выбора речевого кодека для использования VoIP в многошаговых децентрализованных беспроводных сетях на основе WiFi. Показано, что накладные расходы, связанные с заголовками разных уровней и механизмом случайного доступа к среде, существенно ограничивают абонентскую емкость сети. В качестве способа снижения накладных расходов предложено использовать агрегацию кадров речевого кодека. Оптимальный кодек и параметры агрегации определены на основании имитационного моделирования.

Влияние случайной компоненты затухания радиосигнала на работоспособность беспроводных mesh сетей под управлением OLSR

К. Андреев (ИППИ РАН), Д. Фахриев (ИППИ РАН), П. Бойко (ИППИ РАН)

Аннотация

Представлен обзор стохастических моделей распространения радиосигнала, а также представлены результаты моделирования для VoIP-сети под управлением протокола OLSR при различных параметрах канала передачи данных, определено влияние каждого из факторов случайности на поведение сети.

Сравнение современных симуляторов WiFi сетей

П. Бойко (ИППИ РАН), Е. Бучацкая (ИППИ РАН)

Аннотация

Целью работы является обзор и сравнение современных пакетных симуляторов сетей с поддержкой WiFi. Представлены критерии сравнения с акцентом на структуру WiFi модуля имитационной модели и масштабируемость проводимых экспериментов. В соответствии со сформулированными критериями описываются наиболее популярные бесплатные симуляторы NS-2, NS-3, OMNET и JiST/SWANS. Ключевые аспекты собраны в таблицу, объединяющую воедино все знания о рассматриваемых симуляторах. Проведено экспериментальное сравнение для сетей стандартов 802.11b и 802.11a.

Масштабируемость модели физического уровня WiFi в NS-3

П. Бойко (ИППИ РАН), К. Андреев (ИППИ РАН)

Аннотация

Рассматривается проблема квадратичной зависимости времени имитационного моделирования беспроводной сети стандарта 802.11 от количества устройств. Показано, что автоматическое ограничение радиуса распространения радиосигнала позволяет получить модель физического уровня с линейной зависимостью времени моделирования от размера сети валидную в широком диапазоне параметров системы.

Имитационное моделирование в реальном времени и эмуляция беспроводных сетей

П. Бойко (ИППИ РАН), К. Андреев (ИППИ РАН), А. Мазо (ИППИ РАН), Д. Михин (ИППИ РАН)

Аннотация

Обсуждаются технологии и приложения эмуляции работы беспроводных сетей. Описываемый подход позволяет совмещать использование реального программного обеспечения устройств сети с контролируемостью и воспроизводимостью имитационного моделирования. Приведены экспериментальные данные, сравнивающие пропускную способность моделируемой и эмулируемой многошаговой беспроводной WiFi сети.

21 сентября

Вторник

12:10 - 14:00

Сессия 8: Информационные процессы в живых системах - 1

Большой конференц-зал

Председатель секции: к. б. н. В. А. Бастаков

Лекция: Сенсорные механизмы пространственной ориентации.

к. б. н. В. А. Бастаков

Аннотация

В лекции будут представлены результаты исследований физиологических механизмов пространственной ориентации человека и животных, реализованных на разных уровнях переработки зрительной информации. Адекватное поведение человека и животных строится на реальной информации об окружающем пространстве – на реальной информации о постоянно меняющейся и часто агрессивной внешней среде. Вместе с тем, реальная геометрия зрительной сцены и практически все параметры движущихся и неподвижных объектов (размер, форма, освещенность, цвет и т.д.) в значительной степени зависят от постоянно меняющихся условий внешней среды, а форма внешних объектов еще зависит от угла наблюдения (или взора). С учетом того, что глаза большинства животных движутся, а сами животные постоянно находятся в движении, следует признать, что сетчатка передает в мозг практически всегда искаженную информацию о внешнем окружении. Таким образом, взаимодействие зрительного анализатора с внешней средой практически всегда контекстно зависимо и требует тонкой увязки процессов переработки информации не только в рамках одной зрительной модальности, но интеграции с другими сенсорными системами и с системой проприорецепторов. Важной стороной решения вопросов ориентации в пространстве является сравнительный анализ решения схожих задач восприятия у человека и животных, стоящих на разных уровнях исторического развития. Задачи адекватной интерпретации параметров окружающей среды важны для всех животных, ведущих активный образ жизни, и эти процессы могли влиять на эволюцию нервной системы. Имеются в виду нейрофизиологические механизмы, которые развивались и закреплялись в результате успеха (выживания) тех организмов, которые правильно интерпретировали неоднозначное зрительное окружение. Актуальность этого тезиса подтверждается следующими примерами: задача константности цветовосприятия (распознавание цвета окрашенных поверхностей независимо от спектрального состава внешнего освещения) решалась в процессе эволюции, по крайней мере, трижды разными способами - у stomatopod, у рыб и человека и у птиц. С другой стороны, алгоритм оценки дистанций у человека, амфибий и некоторых беспозвоночных во многом схож.

Точность вертикальных и горизонтальных произвольных движений глаз в зависимости от параметров стимулов

В. В. Огнивов (ИППИ РАН)

Аннотация

Исследование по записи движений глаз проводили на высокоточной установке, принцип работы которой основан на использовании инфракрасных камер, что позволяет испытуемому демонстрировать естественные движения глаз. Размеры зрительных стимулов варьировали. Исследовали способность человека совершать минимально возможные движения глаз по заданной траектории. Независимо от размера стимула испытуемые демонстрируют отклонение от заданной траектории 5 - 20 угл/мин по вертикали и горизонтали.

Электрофизиологические ответы клеток крыши среднего мозга и базального оптического ядра на различные зрительные стимулы.

А. П. Дурнева (ИППИ РАН)

Аннотация

Получение информации об истинных размерах объектов и расстояниях до них - один из решающих факторов ориентации в пространстве. Качество этой информации определяет адекватность поведенческих реакций и, следовательно, эволюционную конкурентоспособность вида. Целью данной работы являлось изучение ответов клеток мозговых проекций сетчатки на стимуляцию.

22 сентября

Среда

10:00 - 10:55

Большой конференц-зал

Пленарная лекция

Ко-эволюция взаимодействующих белков и ДНК

д. б. н. М. С. Гельфанд

Аннотация

Белки, взаимодействующие с ДНК, часто образуют большие семейства. При этом разные члены таких семейств могут узнавать различные участки ДНК. Таким образом, возникают две задачи. Первая - о структурном коде белок-ДНКового узнавания и об оптимальном языке для описания этого кода. (Ясно, что такой код имеет смысл рассматривать только в пределах одного структурного семейства белков.) Вторая - о том, как могут происходить согласованные изменения аминокислот в ДНК-связывающих участках белка и нуклеотидов в узнаваемых сайтах в ДНК в ходе эволюции. В то время как сравнительно-геномные исследования дают богатый материал для дальнейшего анализа, обе эти задачи далеки от решения.

22 сентября

Среда

10:55 - 12:00

Большой конференц-зал

Пленарная лекция

Клеточные основы поведения

д. б. н. Ю. В. Панчин

Аннотация

Мозг состоит из нервных клеток-нейронов. Свойства нейронов и связи между ними определяют поведение человека и животных. Свойства нервных клеток и нейронных контактов обладают большим разнообразием. Нейроны могут генерировать импульсы разной длительности, плато-потенциалы, медленные ритмы или быть молчащими. Связи между клетками бывают химическими и электрическими по механизму и возбуждающими, тормозящими или модулирующими по своему действию. В разных нейронных сетях используются особые типы клеток настроенные на выполнение конкретной задачи. На примере простых нервных сетей будет рассмотрено как свойства и связи отдельных нейронов определяют некоторые формы поведения. Моделируя работу нервной системы, важно сознавать, какими разнообразными механизмами она обеспечивается в живом мозге.

22 сентября

Среда

12:10 - 14:00

Малый конференц-зал

Сессия 9: Теория информации, теория управления и много-компонентные сложные системы -1

Председатель секции: д. ф.-м. н. Г. А. Кабатянский

Лекция: Детерминированные и рандомизированные алгоритмы – несколько примеров

д. ф.-м. н. Г. А. Кабатянский

Аннотация

Если понятие алгоритма большинству людей, использующих современную математику, знакомо (на том или ином уровне строгости), то рандомизированные (вероятностные) алгоритмы чаще всего ассоциируются лишь с методом Монте-Карло.

Я начну с примеров алгоритмов, различающих гипотезы, где наиболее популярными и интересными являются алгоритмы проверки гипотезы о простоте целого числа. Затем будет рассмотрена задача о нахождении наилучших линейных приближений для произвольной булевой функции от m переменных. Лучший известный детерминированный алгоритм - это алгоритм быстрого преобразования Фурье-Адамара и он имеет сложность порядка $m \log m$. А вот рандомизированный алгоритм (Левина-Голдрайха) решает эту задачу со сложностью порядка $m \log m$. Но, конечно, «бесплатного сыра» здесь тоже нет, и за такую малую сложность приходится платить появлением вероятности ошибки алгоритма и зависимостью его сложности от «радиуса» приближения. Будет также обсуждена задача о поиске приближений произвольной булевой функции многочленами степени не выше заданной.

Изменение объема границы под действием логарифмически-несжимающей последовательности отображений

С. А. Комеч (ИППИ РАН)

Аннотация

С целью установления геометрической интерпретации энтропии для широкого класса динамических систем, не обладающих свойством равномерной гиперболичности, в данной работе изучается искажение границы под действием логарифмически-несжимающей последовательности отображений.

Некоторые примеры модальных логик без конечной аксиоматики

А. В. Кудинов (ИППИ РАН), И. Б. Шатиловский (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе рассматриваются пропозициональные модальные логики не обладающие конечной аксиоматикой, и, более того, не аксиоматизируемые никаким своим фрагментом с конечным числом переменных. Показано, что такие логики могут возникать даже в случае весьма «простых» структур, в частности - бесконечных множеств с одним отношением неравенства или в случае произведений структур такого вида.

22 сентября

Среда

12:10 - 14:00

Большой конференц-зал

Сессия 10: Информационные процессы в живых системах-2

Председатель секции: к. б. н. В. А. Бастаков

Стратегии поиска полового партнера у разных видов саранчовых (Insecta, Orthoptera, Gomphocerinae).

Л. С. Шестаков (ИППИ РАН), В. Ю. Веденина (ИППИ РАН)

Аннотация

На примере представителей разных видов сем. Gomphocerinae обсуждаются различные стратегии поиска полового партнера. Представители данного семейства активно используют акустический канал передачи информации при поиске полового партнера. При этом стратегии поиска у разных видов могут различаться.

Исследование взаимовлияния циклической активности верхних и нижних конечностей на общий паттерн мышечной активности.

Д. С. Жванский (ИППИ РАН), И. А. Солопова (ИППИ РАН), В. А. Селионов (ИППИ РАН), А. А. Гришин (ИППИ РАН)

Аннотация

Целью работы было исследование возможности активации мышц пассивной руки при ее циклических движениях, навязанных активными движениями контралатеральной руки или экспериментатором, и влияние на эту активность противофазных движений нижних конечностей. Здоровые испытуемые в положении лежа осуществляли противофазные движения рук отдельно, или совместно с шагательными движениями ног. Эксперимент включал в себя 3 условия: 1) активные движения обеих рук, 2) активные движения одной руки, при которых другая вынужденно участвовала в движении, но была полностью пассивна, 3) пассивные движения руки, вызываемые экспериментатором. В условии 2) применяли дополнительно нагрузки на активную руку. Во всех трех условиях эксперимент проводили также и на фоне шагательных движений ног. Показана возможность активации мышц пассивно движущейся руки, в значительной степени обусловленной увеличенным афферентным притоком от мышц контралатеральной руки. Появляющаяся электрическая активность модулировалась в цикле движения рук и зависела от нагрузки активной руки. Во время шагательных движений и сопутствующих им движений рук происходило взаимодействие систем нейронного управления верхних и нижних конечностей.

22 сентября

Среда

15:00 - 16:50

Малый конференц-зал

Сессия 11: Теория информации, теория управления и многокомпонентные сложные системы -2

Председатель секции: д. ф.-м. н. Г. А. Кабатянский

Лекция: Очереди в системах со многими серверами

д. ф.-м. н. Н.Д. Введенская

Аннотация

Рассмотрим систему со многими серверами - обслуживающими устройствами, на которую поступает поток требований, серверы должны обслужить эти требования. Пример такой системы - супермаркет, где много касс и покупатели выстраиваются в очереди к ним. Как организовать работу, чтобы очереди были поменьше? Эта задача - пример задачи из теории сетей обслуживания, сетей связи - раздела теории вероятностей. Мы опишем несколько математических моделей таких сетей, обладающих несколькими неожиданными свойствами.

Планирование траектории БПЛА в сложных условиях при наличии угроз

А. Б. Миллер (ИППИ РАН), Б. М. Миллер (ИППИ РАН), К. В. Степанян (ИППИ РАН)

Аннотация

В данной работе рассматривается полет беспилотного летательного аппарата (БПЛА) в сложных условиях при наличии угроз. Приведено описание угроз в терминах рельефа, осуществлено нахождение численного решения с помощью краевой задачи.

Дискретный алгоритм управления для двигателя постоянного тока

Ю. М. Рассадин (ИПУ РАН)

Аннотация

В работе описана декомпозиционная процедура синтеза дискретного закона управления для двигателя постоянного тока (ДПТ). Предложены методы локальной линеаризации математической модели ДПТ, позволяющие уточнить полученное методом Эйлера дискретное представление для постоянного интервала квантования. Предложен алгоритм синтеза закона управления для задачи слежения за заданным сигналом по углу поворота вала ДПТ.

22 сентября

Среда

15:00 - 16:50

Сессия 12: Биоинформатика - 4

Большой конференц-зал

Председатель секции: д. б. н. М. С. Гельфанд

Detecting past positive selection through ongoing negative selection

G. Bazykin (IITP RAS), A. Kondrashov (University of Michigan)

Abstract

At any given moment, positive selection which favors currently rare, derived alleles affects only a small fraction of sites in the genome and, thus, is much rarer than negative selection, which favors common, ancestral alleles. A variety of methods for detecting positive selection, both past and ongoing, are in use, and a number of unambiguous cases of positive selection-driven allele replacements have been described at the sequence level. Still, neither of these methods is perfect. Here, we propose a method for detecting past positive selection through ongoing negative selection, based on comparison of the parameters of intraspecies variation at functionally important and selectively neutral sites where the same nucleotide substitution occurred recently. A reduced presence of recently replaced alleles at functionally important sites indicates that negative selection currently acts against these alleles and that their replacements were driven by positive selection. Application of this method to *Drosophila melanogaster* lineage shows that the fraction of adaptive amino acid replacements in it remained ~0.5 for a long time. In *Homo sapiens* lineage, however, this fraction drops from ~0.5 in the course of origin of Catharrhini to 0.1 in the course of origin of Hominidae, to 0 in the course of hominid evolution, perhaps due to the impact of a reduction of effective population size, which can mask past positive selection by elevating the level of nonsynonymous variation.

Edge of the expanding protein universe: exploration of sequence space by very remote homologs

O. Vakhrusheva (MSU), S. Naumenko (IITP RAS), G. Bazykin (IITP RAS)

Abstract

Space of modern protein sequences can be referred to as protein universe and has been formed as a result of divergent evolution. It is assumed that ancestral sequences for many present-day proteins existed in the last universal common ancestor (LUCA). If divergence of proteins that have been evolving since LUCA continues, it can be described in terms of ongoing protein universe expansion. Such expansion would mean that substitutions corresponding to new states in amino acid space for a given position in a given protein are more frequent. Processes shaping protein universe can be inferred from studies on clusters of orthologous proteins from triplets of closely related genomes and sets of more distant genomes. Here, we analyze the trends in exploitation of sequence space in very divergent amino acid positions.

Эволюция кодирующей последовательностей ДНК в участках инсерций и делеций

Лёушкин Е.В. (МГУ им. М. В. Ломоносова), Кондрашов А.С. (Университет Мичигана), Базыкин Г.А. (ИППИ РАН)

Аннотация

Инсерции и делеции (инделы) в кодирующей области ДНК играют значительную роль в эволюции белков. В работе исследуются инделы длиной до 60нт, не вызывающие сдвига рамки считывания. Подавляющее большинство инсерций представляет собой тандемные дубликации. Инделы преимущественно возникают в участках с ослабленным отрицательным отбором, и приводят к дальнейшему увеличению скорости точечных нуклеотидных замен в своей окрестности. Со временем скорость эволюции в окрестности индела снижается. Показано, что сама последовательность инсерции имеет высокую скорость эволюции сразу после вставки, которая со временем также постепенно снижается. По-видимому, окружение вставки/делеции адаптируется к новой структуре белка, в результате чего скорость эволюции снижается. Результаты теста Макдональда-Крейтмана и анализа ранних замен показывают, что многие из точечных нуклеотидных замещений в инсерциях на начальном этапе из эволюции имеют адаптивный характер.

Филогенетический анализ скрытой изменчивости в *Melanogaster*

Сеплярский В. (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Parallel evolutionary trajectories at sites of multiple amino acid replacements in *Drosophila*

N. Terekhanova (MSU), G. Bazykin (IITP RAS)

Abstract

Homoplasies, and parallelisms in particular, can carry information about the fitness landscape. We studied the codons in which the same amino acid originated by two nonsynonymous substitutions from a common ancestor twice independently on the phylogeny of *Drosophila* genus. Under a neutral evolution scenario, the two substitutions in such codons will have proceeded in a random order, and we correspondingly expect that the order of these substitutions in different species will coincide in 50% of cases. However, in 23 of 30 such cases, both substitutions occurred in the same order, i.e. lead through the same intermediate amino acid, as evidenced by an ingroup species. This result implies that the fitnesses of the two intermediate variants in two-substitution codons are usually substantially different, with one variant being usually substantially more fit than the other.

Frequency of reversals in evolution of vertebrates and insects decreases on increased phylogenetic distance between substitutions

S. Naumenko (IITP RAS), A. Kondrashov (University of Michigan), G. Bazykin (IITP RAS)

Abstract

Functional evolution of protein sequences takes place on a fitness landscape, and each amino acid substitution can increase or decrease fitness or leave it invariant. The rate of reversals – amino acid substitutions that give rise to an ancestral amino acid – is relevant to the shape of the fitness landscape and its dynamics. Here, we show that reversals are very frequent in evolution of vertebrates and insects. The fact that amino acid has been present in the evolutionary history of a given amino acid position significantly increases the probability of reversal into this amino acid. The rate of reversals decreases with increased phylogenetic distance. Phylogenetic distance affects the frequency of reversals stronger than other factors.

22 сентября

Среда

17:10 - 19:00

Малый конференц-зал

Сессия 13: Теория информации, теория управления и многокомпонентные сложные системы -3

Председатель секции: д. ф.-м. н. Г. А. Кабатянский

Тонкие аттракторы в косых произведениях

Д. С. Волк (ИППИ РАН), В. А. Клепицын (IRMAR)

Аннотация

В настоящей работе рассматриваются гладкие косые произведения над сдвигом Маркова со слоем отрезок. Среди них выделяется естественный класс косых произведений, обладающий свойствами, аналогичными частично гиперболическим динамическим системам. Для типичного такого косого произведения даётся полное описание динамики: существует лишь конечное число “тонких” аттракторов и репеллеров, которые почти всюду в смысле меры Маркова в базе представляют собой графики измеримого отображения из базы в слой. Точки между ними стремятся к соответствующему аттрактору при $t \rightarrow +\infty$ и репеллеру при $t \rightarrow -\infty$. В частности, для типичного такого косого произведения неблуждающее множество имеет меру нуль.

К обобщенной проблеме Римана-Гильберта

И. В. Вьюгин (ИППИ РАН), Р. Р. Гонцов (ИППИ РАН)

Аннотация

Рассматривается обобщенная проблема Римана-Гильберта для данных монодромии скалярного линейного дифференциального уравнения с иррегулярными особенностями.

Проблема Римана-Гильберта в нетривиальных расслоениях над CP^1

И. В. Вьюгин (ИППИ РАН)

Аннотация

Рассматривается одно обобщение проблемы Римана-Гильберта. В классической проблеме Римана-Гильберта требовалось построить фуксову систему, имеющую заданные представление монодромии и набор особых точек. Мы рассматриваем задачу построения логарифмической связности в расслоении, заданного голоморфного типа по тем же данным. Заметим, что случай тривиального расслоения совпадает с классической проблемой Римана-Гильберта для фуксовых систем.

Изомонодромные деформации систем с иррегулярными особыми точками

Ю. Бибило (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Аннотация

Рассматривается изомонодромная деформация линейных систем обыкновенных дифференциальных уравнений с иррегулярными особыми точками. Доказана теорема об общем виде дифференциальной формы, задающей такую деформацию.

Метод Многомерной Бисекции в Задаче Безусловной Минимизации

Е. Ю. Морозова (РГПУ им. А. И. Герцена)

Аннотация

В работе представлен алгоритм минимизации функции многих переменных при отсутствии ограничений. Алгоритм использует метод многомерной бисекции для поиска минимума функции на симплексе. Метод не требует дифференцируемости функции и гарантированно сходится в классе строго унимодальных функций. Представлены численные примеры, иллюстрирующие эффективность предлагаемого алгоритма для минимизации негладких функций.

22 сентября

Среда

17:10 - 19:00

Сессия 14: Биоинформатика - 5

Большой конференц-зал

Председатель секции: д. б. н. М. С. Гельфанд

Как жить долго? Анализ полного митохондриального генома голого землекопа *Heterocephalus glaber*

К. Ю. Попадъин (ИППИ РАН)

Существует ли генетическая компонента вымирания?

М. Баранова (МГУ им. М. В. Ломоносова), К. Попадъин (ИППИ РАН)

Аннотация

Для того чтобы судьба мутантных аллелей определялась преимущественно генетическим дрейфом, эти аллели не обязательно должны быть строго нейтральными, т.е. совершенно эквивалентными по приспособленности. Необходимо лишь, чтобы их селективное преимущество, или «вредность», измеряемые коэффициентом отбора s , не превышали величины, обратной удвоенному эффективному размеру популяции: $s < 1/(2Ne)$. Существуют и более мягкие определения почти нейтральных генов: $s < 1/Ne$. В любом случае в соответствии с определением, чем меньше эффективный размер популяции, тем большая доля мутаций будет эффективно-нейтральной и тем выше вероятность фиксации этих мутаций. На данный момент уже показано, что популяции с низкой эффективной численностью быстрее накапливают слабо-вредные мутации: островные популяции в сравнении с континентальными, популяции крупных млекопитающих в сравнении с мелкими видами. И хотя скорость накопления мутаций научились хорошо оценивать, до сих пор остается непонятным, влияют ли эти мутации в совокупности на приспособленность видов, а скорость их накопления на повышение риска деградации. Поиском связи между эффективной численностью популяции, скоростью накопления в ней слабо-вредных мутаций и приспособленностью видов мы занимались в данном исследовании.

Эволюция сайтов митохондриального генома, ассоциированных с болезнями человека.

А. Ахмадулина (ИППИ РАН)

Аннотация

С мутациями в митохондриальном геноме ассоциировано множество энцефаломиопатий - болезней нервной ткани и патологий скелетной мускулатуры человека. С помощью базы данных MITOMAP (www.mitomap.org) мы получили описание таких болезней и информацию о локализации мутаций. Все болезни по характеру проявления мы разбили на две группы - болезни, проявляющиеся уже при небольшой доле мутантных митохондриальных геномов в изучаемых клетках (гетероплазмия) и болезни, проявляющиеся только при достижении мутантным митохондриальным геномом 100 % внутри клеток большой ткани (гомоплазмия). Кодоны 13-ти белок-кодирующих генов были разбиты на три группы - (i) кодоны, с которыми ассоциированы болезни, проявляющиеся у человека в состоянии гетероплазмии, (ii) кодоны, с которыми ассоциированы болезни, проявляющиеся у человека в состоянии гомоплазмии и (iii) не ассоциированные с болезнями кодоны. По этим трем выборкам проводили сравнительно-видовой анализ на 45 видах приматов и внутривидовой анализ на 5518 геномах людей. Оказалось, что скорость накопления несинонимических мутаций относительно скорости накопления синонимических мутаций (Kn/Ks) значимо ниже в кодонах, с которыми ассоциированы болезни, проявляющиеся в состоянии гетероплазмии (0,004), по сравнению с кодонами, с которыми ассоциированы болезни, проявляющиеся в состоянии гомоплазмии (0,079). Другими словами, сайты, ассоциированные с гетероплазмийными болезнями человека, более консервативны, и в них происходило меньше аминокислотных замещений в эволюции приматов. Так же мы оценили каждую замену с точки зрения дистанции Грантама, которая отражает степень различия пары аминокислот (в нашем случае - это аминокислота дикого типа и мутантная), исходя из их физико-химических характеристик (полярность, объём, состав). Дистанция Грантама выше в кодонах, ассоциированных с гетероплазмийными болезнями (68.5) по сравнению с кодонами, ассоциированными с гомоплазмийными болезнями (61.1) ($p = 0.04$, Mann-Whitney U-test). Исследования распределения мутаций по структурным элементам белков показали, что мутации преимущественно локализованы в зоне контактов митохондриальных белков с ядерными. Результаты внутривидо-

вого анализа показали, что сайты, не ассоциированные с болезнями, отличаются самым низким числом полиморфных замен и наибольшей физико-химической дистанцией между аминокислотами при замене, что наводит на мысль о большой вредности мутаций в таких сайтах, которые, однако, неизвестны пока на практике. Митохондриальные транспортные РНК мы разделили на две группы относительно положения их генов на ДНК: первую группу составили 14 «легких» тРНК, которые образуются в результате транскрипции с тяжелой G-богатой цепи, вторую группу составили 8 «тяжелых» тРНК, которые образуются в результате транскрипции с легкой C-богатой цепи. «Тяжелые» тРНК отличаются большим числом G-T пар, которые стабилизируют и приближают их к классической структуре «клеверного листа», «легкие» тРНК отличаются большим числом несовпадений, что приводит к укорочению шпилек и делает молекулу термодинамически менее устойчивой. Для каждой молекулы тРНК мы восстановили структуру и определили свободную энергию Гиббса. Среднее значение для одной молекулы «тяжелой» тРНК составило -14,26 кДж/моль, для «легкой» -10,11 кДж/моль. В «легких» тРНК аннотировано больше патогенных мутаций, чем в «тяжелых» - в среднем 9 и 5 на молекулу, соответственно. Такое распределение мутаций скорее всего связано со способностью «тяжелых» тРНК сохранять структуру и функции при изменении свободной энергии вследствие мутации. Внутривидовой анализ генов тРНК показал, что сайты, не ассоциированные с болезнями, лежат в самых низкополиморфных участках. Всего в генах белков проаннотировано 473 патогенных мутаций, из которых 267 гомоплазмийных (61%) и 122 гетероплазмийные (28%), в генах тРНК проаннотировано 147 патогенных мутаций, из которых 41 гомоплазмийная (24%) и 103 гетероплазмийные (60%). Большое количество мутаций, приводящих к болезни при гетероплазмии в генах тРНК по сравнению с генами белков позволяет предположить, что мутации в генах тРНК более опасны. Все эти результаты будут использованы с целью предсказания новых патогенных мутаций митохондриального генома человека.

Транспортные РНК прокариот: влияние на скорость молекулярной эволюции частот использования кодонов и стабильности молекул тРНК

О. Нечай (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Зависимость мутационных процессов в геноме человека от контекста

А. Панчин (ИППИ РАН), С. Митрофанов (МГУ им. М. В. Ломоносова), А. Алексеевский (ИФХБ), С. Спиринов (ИФХБ), Ю. Панчин (ИППИ РАН)

Аннотация

Значительное увеличение частоты транзиции C>T в первой позиции динуклеотида CG в геноме человека является хорошо изученным примером зависимости процессов мутагенеза от нуклеотидного контекста. В данном случае резкие изменения частоты мутаций связаны с работой фермента ДНК метилазы. Таким образом, изучение влияния нуклеотидных контекстов на мутационные процессы не только интересно само по себе, но может помочь поиску новых механизмов мутагенеза. Использование геномов шимпанзе и орангутана позволило восстановить предковое состояние 6,530,908 одиночных нуклеотидных полиморфизмов (SNP) человека и определить направление мутаций. Изучена зависимость частот мутаций от 1-5 нуклеотидных контекстов. Например, выяснилось, что транзиция T>C происходит во второй позиции мотива АТТ/АГ примерно в 3.5 раза чаще, чем транзиции T>C в среднем по всем мотивам. Это сравнимо с увеличением частоты транзиций C>T в первой позиции динуклеотида CG (в 4.7 раза). Обсуждаются и другие эффекты.

23 сентября

Четверг

10:00 - 11:50

Малый конференц-зал

Сессия 15: Компьютерная лингвистика и моделирование
естественного языка

Председатель секции: д. филол. н. Л. Л. Иомдин

Русская бытовая предметная лексика: онтология и описание

Б. Л. Иомдин (ИРЯ РАН)

Аннотация

Бытовая предметная лексика - слова, называющие артефакты, регулярно используемые большинством городских жителей независимо от их профессиональной и социальной принадлежности - ставит перед исследователем и лексикографом интересные и сложные задачи. Описывается проект словаря-тезауруса бытовой терминологии русского языка, который начала составлять группа молодых исследователей под руководством автора работы. Приводятся и анализируются первые результаты анкетирования информантов и предлагается онтологическая классификация бытовой предметной лексики, необходимая и в качестве базы для создания словаря-тезауруса, и для различных прикладных целей.

Использование статистической информации о конкурирующих синтаксических связях в синтаксическом анализаторе ЭТАП-3

В. В. Петроченков (ИППИ РАН), В. Г. Сизов (ИППИ РАН)

Аннотация

Для построения правильной синтаксической структуры предложения синтаксический анализатор ЭТАП-3 использует специальную систему весов, чтобы определить, какие из противоречащих друг другу гипотетических синтаксических связей, построенных в ходе его работы, войдут в итоговую синтаксическую структуру. В статье описывается способ усовершенствования существующей системы весов, основанный на использовании статистики конкуренции связей, полученных в процессе синтаксического анализа.

Эксперименты по созданию гибридной системы синтаксического анализа на основе системы ЭТАП-3

А. О. Казенников (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе представлены результаты экспериментов по созданию гибридной системы синтаксического анализа на основе правил системы ЭТАП-3 и статистических методов синтаксического анализа. Статистический компонент на основе машинного обучения используется в двух режимах: для сохранения заведомо корректных связей и удаления заведомо некорректных связей. Основным результатом представленных экспериментов является небольшое улучшение качества синтаксического анализа. Кроме того, наблюдается сокращение времени синтаксического анализа.

Эксперимент по построению синтаксической разметки английских предложений с использованием известных фрагментарных данных

В. Г. Диконов (ИППИ РАН), П. В. Дяченко (ИППИ РАН)

Аннотация

Основная гипотеза данной работы состоит в том, что использование дополнительной информации об анализируемом предложении в процессе построения его синтаксической структуры и далее семантического графа позволяет повысить качество результата. Мы хотим проверить эту гипотезу на основе материала, представляющего собой корпус английских предложений, для которого ранее были получены различные знания о свойствах отдельных слов. Обработка материала в нашей работе проводится лингвистическим процессором ЭТАП.

Лексико-функциональная разметка текстов в СинТагРус

Т. И. Фролова (ИППИ РАН), О. Ю. Шеманаева (ИППИ РАН)

Аннотация

В 2009-2010 гг. в Лаборатории компьютерной лингвистики ИППИ РАН ведется работа по лексико-функциональной разметке русских текстов. В предложениях с построенной древесной синтаксической структурой выявляются и отмечаются словосочетания, допускающие интерпретацию в терминах лексических функций-коллокатов. К настоящему моменту получено около 2000 размеченных таким образом предложений с 2500 вхождениями лексико-функциональных словосочетаний. Полученный корпус можно использовать для решения лингвистических и преподавательских задач, связанных с лексическими функциями.

23 сентября

Четверг

12:10 - 14:00

Малый конференц-зал

Сессия 16: Обработка изображений -1

Председатель секции: к. ф.-м. н. Д. П. Николаев

Алгоритм захвата и отслеживания объекта на цифровых изображениях с упрощенной процедурой обучения

А. Н. Алфимцев (МГТУ им. Н. Э. Баумана), И. И. Лычков (МГТУ им. Н. Э. Баумана)

Аннотация

Рассмотрен вычислительно эффективный алгоритм захвата и отслеживания объектов на цифровых изображениях с упрощенной процедурой обучения. Представлен аналитический обзор существующих алгоритмов захвата и отслеживания объектов, выделены их преимущества и недостатки. Приведены примеры работы предложенного алгоритма на тестовой выборке изображений статического жеста открытой ладони.

Алгоритм автоматического обнаружения устойчивых изменений, наблюдаемых на неоднородном фоне в последовательности видеок кадров

И. Б. Кондратенков (ИППИ РАН), Л. И. Рубанов (ИППИ РАН)

Аннотация

В последнее десятилетие бурными темпами развивается индустрия компьютерных систем наблюдения за оперативно меняющимися ситуациями, основанных на использовании видеокамер и компьютеров в качестве средств обработки, анализа и визуализации изображений. В статье описывается метод совместной обработки видеопоследовательности в пространственной и временной областях, предназначенный для применения в составе компьютерных систем наблюдения наряду с другими известными методами обработки и анализа видео данных.

Идентификация изображений документов методами, предназначенными для поиска лиц

С. Усилин (МФТИ ГУ), Д. Николаев (ИППИ РАН), В. Постников (ИСА РАН)

Аннотация

В работе описан алгоритм идентификации изображений документов, удостоверяющих личность, с помощью алгоритма Виолы и Джонса, разработанного для поиска лиц. Применение этого алгоритма позволяет исключить из процесса классификации процедуры обработки и предварительного распознавания изображения, используя при этом в качестве входных данных непосредственно полутоновое изображение. Преимуществами данного алгоритма являются высокая скорость работы, а также полностью автоматическое построение классификатора при наличии обучающих примеров. Архитектура алгоритма помимо классификации позволяет также автоматически определять расположение и ориентацию документа на изображении.

Исследование метода слияния областей в задаче цветовой сегментации

Т. Ханипов (ИППИ РАН), Д. Николаев (ИППИ РАН)

Аннотация

В статье приводятся результаты исследования метода слияния областей в задаче цветовой сегментации для случая, когда процесс слияния начинается с отдельных пикселей изображения. Описаны особенности программной реализации метода: представление графа соседства областей, процедура слияния вершин и способ хранения ребер, обеспечивающие высокую скорость работы. Приведены результаты исследования зависимости качества сегментации от степени зашумленности изображения. Показана возможность применения метода для бинаризации текстовых изображений.

Сравнение вариантов реализации алгоритма Ниблэка бинаризации полутоновых изображений

А. Миронов (МФТИ ГУ), Д. Николаев (ИППИ РАН)

Аннотация

В данной работе рассматривается один из самых быстрых и качественных алгоритмов бинаризации - алгоритм Ниблэка. Предлагаются способы его модификации. Изучаются скорость работы и качество рассматриваемых вариантов на конкретном примере. Предлагаются несколько способов сравнения результатов бинаризации.

23 сентября

Четверг

12:10 - 14:00

Большой конференц-зал

Сессия 17: Биоинформатика - 6

Председатель секции: д. б. н. М. С. Гельфанд

HexR – new central carbohydrate metabolism transcription regulator. Comparative approach study

S. Leyn (IITP RAS), D. Rodionov (Burnham Institute for Medical Research)

Abstract

Recently new central metabolism regulator HexR was found in *Pseudomonas* species. In this paper we apply comparative genomic approach to analyze HexR regulation in 95 genomes of Gamma- and Beta-proteobacteria. The regulon content vary significantly among 9 groups of studied bacteria. HexR controls from 1-2 target operons in Enterobacteria and up to 19 operons in the Aeromonadales group. Most of the genes predicted to be under regulation of HexR encodes metabolic enzymes of the central glycolytic pathways. The predicted DNA-binding motifs of HexR regulators possesses 20-nt palindromic structure and a common consensus nTGTAAnnnnnnTACAAn (where 'n' denotes any nucleotide). In Pseudomonadales group we found two paralogs of HexR, one with the conventional motif and another one with a substantially different motif with consensus nTGTTGTnACAACAn.

Кислород-зависимая регуляция азотфиксации в Alphaproteobacteria

Е. Климова (МГУ им. М. В. Ломоносова), Д. Равчеев (ИППИ РАН)

Аннотация

Азотфиксация – это сложный биохимический 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 в Alphaproteobacteria. Процесс азотфиксации осуществляется за счёт фермента нитрогеназы, которая крайне чувствительна к присутствию молекулярного кислорода (в аэробных условиях нитрогеназа разрушается). 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, регулирующим свою активность самостоятельно в ответ на присутствие кислорода, и FixK, регулируемом двухкомпонентной системой FixL-FixJ. В настоящей работе FnrN-, FixK и FixL-FixJ-зависимая регуляция азотфиксации в Alphaproteobacteria была исследована методами сравнительной геномики и найден мотив связывания белка FixJ.

Азот-зависимая регуляция азотфиксации у альфапротеобактерий

Е. Яловая (МФТИ ГУ)

Исследование регуляторов семейства MerR методами сравнительной геномики.

И. Жаров (МФТИ ГУ)

Аннотация

У *Bacillus subtilis* регуляторный белок BltR семейства MerR активирует транскрипцию генов, кодирующих транспортер множественной лекарственной устойчивости Blt и спермин/спермидинацетилтрансферазу BldD. Мотивы связывания гомологов регулятора транскрипции BltR найдены в 26 бактериальных геномах. Анализ регулонов показал, что белки подсемейства BltR являются локальными активаторами. Регулируются преимущественно гены, кодирующие транспортеры надсемейств MATE и ABC и ацетилтрансферазы. Ацетилтрансферазы гомологичны BldD *B. subtilis*. MATE-транспортеры являются Na⁺/H⁺-антипортерами, а ABC-транспортеры используют энергию гидролиза АТФ. Филогенетический анализ показал, что эти транспортеры гомологичны экспериментально охарактеризованным транспортерам множественной лекарственной устойчивости.

Белок Prp2 подсемейства FadR – новый вариант регуляции метаболизма пропионата

И. А. Суворова (ИППИ РАН)

Аннотация

Специфичность ДНК-белковых взаимодействий – важная проблема современной молекулярной биологии. В изучении данного вопроса активно используется биоинформатический подход, основанный на поиске корреляций в изменениях последовательности белка и его сайтов связывания. В настоящей работе рассматриваются: малоисследованный ранее вариант регуляции метаболизма пропионата при помощи регуляторного белка Prp2 из подсемейства FadR семейства GntR, его регуляторный сайт, а также анализируются изменения в составе регулонов – групп корегулируемых генов.

Регулоны факторов NtcA и NtcB у цианобактерий и багряннок

К. В. Лопатовская (ИППИ РАН), А. В. Селиверстов (ИППИ РАН), В. А. Любецкий (ИППИ РАН)*

Аннотация

Рассмотрено большое количество видов цианобактерий и хлоропластов Rhodophyta в связи с регуляторной активностью факторов NtcA и NtcB перед различными генами, большей частью связанными с метаболизмом азота. Это позволило предсказать много новых сайтов связывания этих факторов, существенно уточнить консенсус сайтов связывания, предсказать эволюцию NtcA- и NtcB-регулонов и опровергнуть гипотезу о существенной роли у подавляющего большинства видов NtcA-регуляции генов, вовлеченных в фиксацию углерода, и генов фотосистем.

Регуляция SOS-ответа Протеобактерий: сравнительно-геномный анализ фактора транскрипции LexA и сайтов его связывания

М. Э. Борисова (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Аннотация

SOS-ответ представляет собой индуцируемую реакцию клеток на резкую остановку синтеза ДНК. В обычных же условиях белок LexA (или его ортолог в Грам-положительных бактериях — DinR) репрессирует все гены SOS-ответа, связываясь со специфическими последовательностями в промоторных областях. В работе были исследованы полные геномы Протеобактерий на наличие в них ортологов генов *Escherichia coli*, регулируемых белком LexA, и наличие перед ними сайтов связывания. Было показано, что: топология дерева белков LexA коррелирует со структурой мотива, в Бета-протеобактериях обнаружен далёкий гомолог *suIA* - *suIA**, который в большинстве геномов имеет потенциальный сайт связывания LexA.

23 сентября

Четверг

15:00 - 16:50

Малый конференц-зал

Сессия 18: Обработка изображений -2

Председатель секции: к. ф.-м. н. Д. П. Николаев

Генеративное распознавание штрихкодов с применением аппарата быстрых обобщенных преобразований Хафа

П. Безматерных (ИСА РАН), Д. Николаев (ИППИ РАН), С. Гладилин (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе предлагается метод быстрого вычисления оценки близости матрицы распознаваемого штрихкода с матрицами идеалов, использующий алгоритм построения быстрых обобщенных преобразований Хафа (далее БОПХ), также рассматриваются оптимизации данного алгоритма по скорости и памяти, и проводится сравнение с другими способами реализации генеративного распознавания.

Сдвиговое и полусдвиговое преобразование Хаффа: генерация быстрых вычислительных схем

Д. Николаев (ИППИ РАН), С. Карпенко (ИППИ РАН), В. Соколов (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Аннотация

В работе дается определение сдвигового и полусдвигового обобщенного преобразования Хаффа. Для сдвигового преобразования предлагается жадный алгоритм генерации быстрых вычислительных схем. Рассматривается возможность применения предложенного алгоритма к задаче детектирования эллипсов на изображении. Кроме того, в работе предлагается альтернативный подход к задаче генерации с использованием аппарата КС-грамматик.

Быстрый алгоритм локализации колес автомобилей на изображениях

В. Филиппова (МФТИ ГУ), В. Постников (ИСА РАН)

Аннотация

В работе описан комбинированный алгоритм локализации колес автомобиля. Ключевыми особенностями алгоритма являются опора на яркостное, а не градиентное изображение, а также использование ряда эвристик для отсекающей большей части ложных решений.

Точная локализация опорных решеток полей заполнения в анкетах

Д. Николаев (ИППИ РАН), А. Куроптев (ИСА РАН), В. Постников (ИСА РАН)

Аннотация

В данной работе рассматривается проблема распознавания полей заполнения в анкетах, снабженных опорной разграфкой. Ставится задача детектирования и удаления квазипериодических решеток. Предлагается и описывается алгоритм локализации решеток методами динамического программирования и морфологической фильтрации. Приводятся результаты тестирования реализации предложенного алгоритма на значительном объеме документов.

Построение искусственной мозаики колбочек как полигонального разбиения с заданными параметрами

М. В. Костюков (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе рассматривается проблема моделирования мозаики колбочек. Формально ставится задача построения разбиения области на многоугольники с площадями, являющимися реализацией случайной величины с заданным распределением. Показывается, что эта задача может быть сведена к минимизации функционала с геометрическими ограничениями. На основании этого в работе предлагается несколько вариантов алгоритма построения мозаики фоторецепторов на плоскости.

23 сентября

Четверг

15:00 - 16:50

Большой конференц-зал

Сессия 19: Биоинформатика - 7

Председатель секции: *д. б. н. М. С. Гельфанд*

Сравнительно-геномный анализ структур РНК, регулирующих трансляцию генов рибосомных белков у протеобактерий и фирмикут

С. Петрова (МГУ им. М. В. Ломоносова), А. Витрецак (ИППИ РАН), М. Гельфанд (ИППИ РАН)

Аннотация

Один из важных механизмов регуляции генов связан с образованием вторичной структуры мРНК в регуляторной (или лидерной) области гена. Такой механизм регуляции имеется как у бактерий, так и у эукариот. Рибосомный белок связывается с регуляторным сайтом мРНК, имитирующим сайт связывания рибосомного белка с рибосомой. При связывании запирается сайт инициации трансляции и рибосомальные гены не экспрессируются. В данной работе мы проследили за протяженностью уже известных регуляторных мРНК сигналов. А также предсказали новые регуляторные элементы в классе фирмикут. В частности, филогенетический анализ str, alpha, spc регуляторных сайтов показал, что регуляция ограничена только гамма-протеобактериями, причем, отсутствует в нескольких семействах гамма-протеобактерий, более близких к бета-протеобактериям. В другом случае, регуляция оперона L21-L17 сохранена во всех фирмикутах, кроме молликут. Бактерии этой группы имеют сильно вырожденный геном (в 5-10 раз меньше чем у других бактерий), и регуляция часто теряется. Регуляторная структура оперона L21-L27, а также для еще двух оперонов - L19, L13-S9 предсказана нами. Ранее никаких данных о регуляции данных оперонов не встречалось.

Ко-эволюция рибосомных белков и рРНК

С. Петрова (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Изучение копияности рибосомального белка L7

Я. Давыдов (ВНИИФК), А. Тоневцкий (ВНИИФК)

Аннотация

Одним из наиболее сложных для изучения участков рибосомы является, так называемый, L7/L12 стержень, включающий в себя белки L10 и L7. Комплекс белков L10 и L7 кишечной палочки содержит четыре молекулы белка. В 2005 году было показано, что рибосома *T. maritima* содержит не четыре, а шесть молекул белка L7. Предложен метод определения *in silico* числа молекул L7 в рибосоме бактерии. Был проведён анализ эволюции прокариотического белка L7

Covalent protein-RNA complexes extraction

Y. Korostelev (ИИТ РАС), J. Gerton (Stowers Institute for Medical Research)

Abstract

We developed a protocol for covalent protein-RNA complexes extraction from yeast. The complexes are extracted from lysate using centrifugation in a cesium chloride gradient and then purified on a glass fiber filter. Analysis of RNA from the complexes shows that it is a population of a small-sized RNAs the majority of which are 200 nucleotides long.

Разбиение семейства S8 растительных сериновых протеаз на группы специфичности с помощью компьютерных методов

В. Степанова (МГУ им. М. В. Ломоносова), А. Рахманинова (МГУ им. М. В. Ломоносова)

Аннотация

Для разбиения семейства растительных сериновых протеаз на группы специфичности было применено 2 различных подхода. В первом случае на основе множественного выравнивания было получено такое разбиение, которое обеспечивало нахождение лучших SDP-позиций. В другом случае на основе попарного выравнивания доменов был применён метод поиска ортологов. Полученные результаты позволяют говорить о существовании групп специфичности внутри указанного семейства.

Эволюция родопсинов

Павел Шелякин (ИППИ РАН)

Изучение эволюции сайтов ацетилирования лизина в белках позвоночных

Е. Курмангалиев (ИППИ РАН)

Аннотация

Ацетилирование лизина является одним из основных типов пост-трансляционных модификаций. В данной работе мы реконструировали эволюцию более 1000 сайтов ацетилирования лизина в белках человека среди 6 видов позвоночных. Сравнение векторов замен ацетилированных и неацетилированных остатков лизина показала значимые различия между ними. Это является подтверждением гипотезы о том, что модифицированные остатки с точки зрения биохимии являются «новыми» типами аминокислот и эволюционирует отлично от своих немодифицированных аналогов.

Эволюция сигнальных пептидов

Н. Быкова (МГУ им. М. В. Ломоносова)

23 сентября

Четверг

17:10 - 19:00

Малый конференц-зал

Сессия 20: Информационные процессы в сложных системах

Председатель секции: к. т. н. Д. С. Осипов

Estimation of effective dimension reduction space for function approximation

M. Belyaev (IITP RAS), E. Burnaev (IITP RAS), Pavel Prikhodko (IITP RAS)

Abstract

In the problem of approximation of multidimensional function the number of adjusted parameters essentially depends on the dimension of input vector. For adequate estimate of big number of parameters samples of big sizes are needed which are usually unavailable in case of real applied problems. In order to deal with such situation preliminary dimension reduction of input vector should be done. Two methods are proposed in the present paper: 1. The method for simultaneous estimation of dimension of compression transformation and complexity of a model used for approximation. Developed method allows choosing optimal combination of these parameters avoiding overtraining of approximating function. 2. Method for dimension reduction of input vectors before construction of an approximation is proposed. This method allows preserving proximity between the values of the approximable function for initial input vectors and corresponding recovered input vectors. Application of proposed methods to real and artificial data shows good performance in terms of run-time and accuracy.

Интеграция сетевой ГИС в распределенную информационно-аналитическую среду

А. П. Вайншток (ИППИ РАН), В. Г. Гутис (ИППИ РАН), А. Б. Дерендяев (ИППИ РАН)

Аннотация

Рассмотрены принципы интеграции сетевой ГИС в большую распределенную систему, оперирующую в реальном времени с потоками разнотипных пространственно-временных данных. Показана реализация взаимодействия ГИС Гео-ЕСИМО с серверами ЕСИМО. Представлены примеры анализа пространственно-временных данных по мировому океану.

Система автоматизированного проектирования иерархических меню

А. И. Даниленко (ИПУ РАН)

Аннотация

Описана автоматизированная система оптимизации иерархической структуры меню. Сформулированы требования к интерактивному процессу проектирования. В качестве математической формализации задачи предложена модель на базе теории оптимизации иерархических структур. Описаны полученные теоретические результаты и реализованная на их основе интерактивная система проектирования меню. Подход проиллюстрирован на примере меню мобильного телефона.

Применение методов сетей массового обслуживания в задаче распределения ресурсов «облачных» систем

В. П. Суртин (ИППИ РАН)

Аннотация

Концепция «облачных» вычислений, набирающая популярность во всём мире, предлагает рассматривать аппаратное обеспечение как ресурс с точки зрения программного обеспечения. В работе рассматривается подход к оптимизации распределения вычислительных ресурсов «облака» с учётом компонентной структуры работающих на нём информационных систем.

Адаптация специализированного хранилища данных

К. В. Бадмаева (ИВМ СО РАН)

Аннотация

Рассмотрен ряд характерных, специфических черт хранилища данных как сложной системы. Сформулирована общая постановка задачи адаптации хранилища данных и предложен алгоритм решения локальной задачи адаптации для специализированного хранилища данных - выбор представлений для материализации.

Метод оценки эффекта от внедрения информационной системы планирования контрольных мероприятий

Д. В. Волчков (ИППИ РАН), А. Ю. Леонов (ИППИ РАН)

Аннотация

В работе рассматривается метод построения модели процесса согласования контрольных проверок при формировании плана проверок в государственных органах контроля и надзора в рамках задачи оценки эффективности внедрения информационных систем. Предлагаемый метод может быть использован при оценке общего эффекта от внедрения информационных систем планирования контрольных мероприятий в государственных органах контроля и надзора. Приведены результаты использования данного метода для решения задач согласования проверок с заданным числом исполнителей.

23 сентября

Четверг

17:10 - 19:00

Сессия 21: Биоинформатика - 8

Большой конференц-зал

Председатель секции: д. б. н. М. С. Гельфанд

Вероятностный подход для выявления состава регулона. Различные способы определения меры принадлежности гена к регулону.

Е. Д. Ставровская (ИППИ РАН), Д. А. Родионов (Институт медицинских исследований Бернхама), А. А. Миронов (ИППИ РАН), И. Дубчак (Национальная лаборатория им. Лоуренса, Беркли), П. С. Новичков (Национальная лаборатория им. Лоуренса, Беркли)

Аннотация

Распознавание транскрипционных регуляторных сетей - одна из интереснейших задач, с которой столкнулось биоинформатическое сообщество в связи с постоянно растущим количеством полных геномов. Сравнительно-геномный подход с успехом использовался для анализа транскрипционной регуляции многих метаболических систем в различных бактериальных таксономических группах. Консервативность сайта перед геном в группе родственных геномов свидетельствует в пользу регуляции гена данным транскрипционным фактором. Традиционно для определения регуляторных сайтов при поиске с помощью профильной матрицы устанавливают некоторый оптимальный порог на вес сайта. В данной работе предложены три способа определения меры принадлежности гена к регулону на основании эволюционной консервативности сайта. Две меры основаны на выборе оптимального порога на вес сайта, а третья использует альтернативный подход.

Инструментальное средство поиска регуляторных мотивов в геномах

А. Гайдукова (МГУ им. М. В. Ломоносова), Е. Д. Ставровская (ИППИ РАН), А. А. Миронов (ИППИ РАН)

Аннотация

В процессе жизнедеятельности клетки не все гены экспрессируются одновременно. Это достигается за счет регуляции. Понимание механизма регуляции экспрессии генов - важная задача биологии. При изучении регуляции экспрессии на уровне транскрипции важно не только определить белки-регуляторы (транскрипционные факторы), но и участки их связывания с последовательностью ДНК. В настоящее время в открытом доступе находится большое количество секвенированных геномов и данных по экспрессии генов, что позволяет изучать регуляцию путем анализа последовательностей с помощью вычислительных методов. Задача поиска регуляторных мотивов в наборе последовательностей ДНК - классическая задача биоинформатики. К настоящему моменту создано огромное количество алгоритмов поиска мотивов, однако все они имеют свои ограничения, и не существует универсального алгоритма, который решает эту задачу. Известно, что алгоритмы, комбинирующие различные методы, наиболее эффективны и универсальны. В данной работе мы представляем алгоритм поиска мотивов в последовательностях ДНК, совмещающий словарные техники и методики, использующие скрытые марковские модели.

Поиск сигналов инициации трансляции у Cyanobacteria.

Д. Митева (МГУ им. М. В. Ломоносова), Е. Д. Ставровская (ИППИ РАН), А. Б. Рахманинова (МГУ им. М. В. Ломоносова), А. А. Миронов (ИППИ РАН)

Аннотация

Два известных из экспериментальных работ предположения о механизме регуляции трансляции в Cyanobacteria были проверены. Для определения статистической значимости полученных результатов были проведены контрольные тесты. При поиске полипиримидиновых сайтов в 5'-нетранслируемых областях мРНК генов *Synechococcus elongates* с различными параметрами поиска не получено значимых результатов. Также, предположение о «ссAUG» - контексте стартового кодона не подтвердилось. Планируется дальнейшее изучение данного вопроса.

Разработка универсального математического метода обнаружения скрытой периодичности в аминокислотных последовательностях

А. Г. Шинкарьюк (НИЯУ МИФИ)

Аннотация

Скрытые аминокислотные повторы широко распространены в белковых последовательностях и отражают их структуру и возможное функциональное предназначение. Так, белки, отвечающие одному функциональному семейству, во многих случаях имеют одинаковый скрытый период. Это делает задачу выявления скрытой периодичности чрезвычайно важной. Однако существующие методы обнаружения периодичности имеют различные недостатки: невозможность учесть возможные вставки и делеции символов, работа лишь со случаями явной периодичности и, наконец, требовательность к вычислительным ресурсам. В связи с этим был разработан универсальный метод выявления скрытой периодичности, устраняющий перечисленные недостатки. Приведены результаты сканирования банка данных Swiss-Prot и сравнение работы алгоритма с существующими аналогами.

Моделирование взаимодействия фага и CRISPR-систем

Ф. Еникеева (ИППИ РАН)

Inference of regulatory relationships in human urothelial cancer - 1

K. Schmitt (TUM)

Inference of regulatory relationships in human urothelial cancer - 2

M. Bock (TUM)

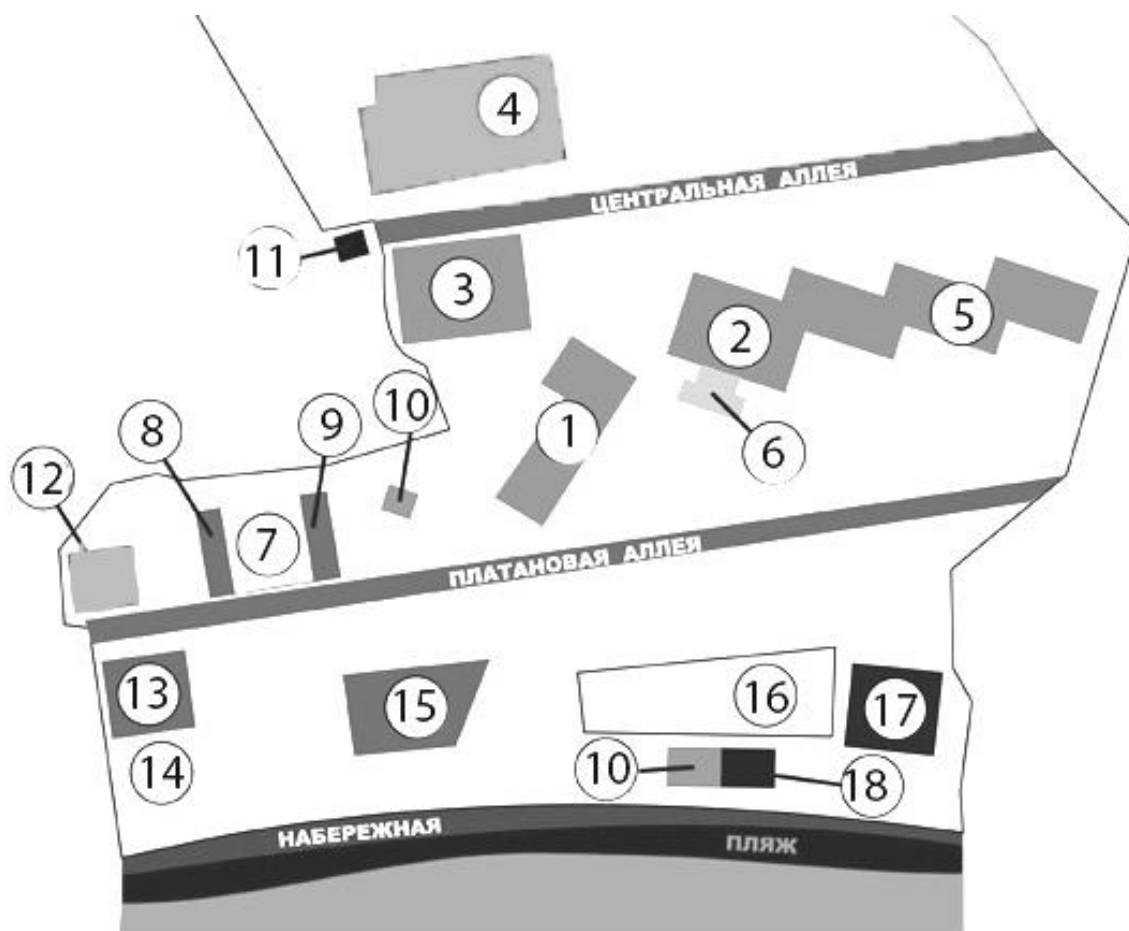
ONION: an XML format to exchange gene-related probabilities

A. Favorov (Johns Hopkins University), D. Lvovs (RI Genetika), W. Speier (Johns Hopkins University), G. Parmigiani (Dana-Farber Cancer Institute), Michael Ochs (Johns Hopkins University)

Abstract

We present here an XML format, ONION, that is designed to encode biological relationships in a Bayesian form. Any ONION consist of a dictionary that lists the names of biological objects (words) we speak about (e. g., lists all the loci and alleles of interest), a set of expressions that are Boolean functions on predicates about the words, and a set of statements that refer to the expressions in a Bayesian way. The essence of the predicates is out of scope of the format. Statements occur in blocks, each arising from a single data source with an ascribed reliability. While this work grows out of encoding prior knowledge of potential gene interactions, the framework presented here is general. In fact, the interpretation of the encoded information is on the receiver of the XML. The format is able to establish communication between a wide variety of genome-scale informatics and analysis tools

Схема санатория «Голубая волна»



- | | |
|---|------------------------------|
| 1. Корпус №1 | 10. Туалет |
| 2. Корпус №2, Малый конференц-зал | 11. Часовня |
| 3. Корпус №3, SPA-салон | 12. Баня, сауна |
| 4. Ресторан, Большой конференц-зал | 13. Летняя эстрада |
| 5. Медицинский центр | 14. Открытый бассейн |
| 6. Регистрация | 15. Летнее кафе-бар |
| 7. Крытый бассейн | 16. Спортивные площадки |
| 8. Боулинг, бильярд | 17. Детская игровая площадка |
| 9. Кафе "Мороженное" | 18. Спасательный пост |