

# №21-22 2002 год

## БИОИНФОРМАТИКА — НАУКА ТРЕТЬЕГО ТЫСЯЧЕЛЕТИЯ

### (Итоги Международной конференции по биоинформатике в Новосибирске, 14-20 июля 2002 г.)

С 14 по 20 июля 2002 г. в новосибирском Академгородке прошла очередная международная конференция по биоинформатике «BGRS'2002» (Bioinformatics of Genome Regulation and Structure — Биоинформатика регуляции и структуры генома). Конференция была третьей в серии международных конференций по биоинформатике, проводимых каждые два года в Новосибирском научном центре на базе Института цитологии и генетики СО РАН. Эта научная встреча продолжила традиции предыдущих конференций — BGRS'98 и BGRS'2000, — показавших, что теоретическое исследование регуляторных последовательностей геномов является одной из центральных проблем биоинформатики — современной науки, появившейся на стыке генетики, молекулярной биологии, математики и компьютерных технологий.

Председателем оргкомитета BGRS'2002 был доктор биологических наук, профессор Николай Александрович Колчанов, положивший начало такой серии конференций по биоинформатике. Сопредседатели — профессор Ральф Хофестаedt (Германия) и профессор Фил Бурн (США). Организаторами конференции были академик РАН Владимир Константинович Шумный и доктор биологических наук, профессор Вадим Александрович Ратнер. Среди участников и членов программного комитета конференции были известные российские ученые: Л.А.Животовский, Н.К.Янковский, Р.Н.Чураев, М.С.Гельфанд, А.А.Миронов, Е.В.Коротков, видные иностранные ученые: Эдгар Вингендер, Хайнц Шредер (Германия), Лучано Миланези (Италия), Джон Рейниц (США), Мирей Ренье (Франция), Акинори Сараи (Япония). Обширна география участников конференции: Бельгия, Великобритания, Германия, Италия, Польша, Португалия, Сингапур, США, Франция, Япония, научные центры России и СНГ — всего в конференции участвовало более 200 ученых из 19 стран мира.

На конференции в Новосибирске собрались специалисты в области генетики и биоинформатики для обсуждения результатов, прогресса и перспектив этой динамичной области науки в наступившую «постгеномную» эпоху. Были здесь представители и академической науки, и частных фирм (Чарльз Ходгман — фармацевтическая компания «GlaxoSmithKline», Великобритания). Биоинформатика в мире в целом переживает бурное развитие в связи с большим прикладным значением разработки информационных технологий для задач медицины, фармацевтической промышленности, геной инженерии.

Большой потенциал в разработке теоретических методов биоинформатики накоплен в России. В Новосибирске начало было положено работами А.А.Ляпунова, И.А.Полетаева, В.А.Ратнера по математической биологии, впоследствии получившей название «биоинформатика» (информационная биология). Сейчас в России эта наука переживает подъем, свидетельством чему является большое число молодых российских участников конференции из Москвы и Санкт-Петербурга, работающих как в научных институтах РАН, так и в исследовательских центрах совместных предприятий с иностранным участием.

Основными научными проблемами конференции были масштабный анализ и функциональная аннотация генома в Интернет-доступных базах данных, компьютерное предсказание структуры генов и их регуляторных последовательностей. Компьютерное исследование регуляции геной экспрессии является традиционным научным направлением, развиваемым в ИЦиГ СО РАН. Исследование механизмов управления транскрипцией как на уровне инициации транскрипционного комплекса, так и посттранскрипционных событий естественным образом приводит к концепции геной сетей — комплексов взаимодействующих макромолекул, образующих регуляторные контуры. Много интересных докладов было сделано сотрудниками ИЦиГ СО РАН, большей частью из лаборатории теоретической генетики, взявшей на себя роль хозяина и организатора этого представительного научного собрания. Стоит отметить доклады Н.А.Колчанова, В.А.Лихошва и Е.В.Игнатъевой, посвященные описанию регуляторных районов транскрипции и моделированию геной сетей. Тематика математического описания регуляции транскрипции была освещена в докладах С.И.Фадеева и Н.Г.Загоруйко — сотрудников Института математики СО РАН, последние годы занимающихся биологической проблематикой в рамках совместного с ИЦиГ Интеграционного проекта СО РАН «Моделирование фундаментальных генетических процессов и систем».

Ключевые проблемы, связанные с созданием специализированных баз данных и анализом ДНК-белковых взаимодействий, осветили иностранные гости: Э.Вингендер, Х.Мизушима, А.Сараи. Здесь можно отметить факт острой научной конкуренции между странами — масштабные задачи накопления и обработки разрозненных экспериментальных данных по белковым транскрипционным факторам и их сайтам связывания с ДНК имеют большое практическое значение: крупные научные группы разрабатывают собственные специализированные компьютерные базы данных в этой области.

В тематику конференции входили структурная и функциональная геномика, анализ пространственных структур белков. В докладе В.А.Кузнецова (США) были представлены оригинальные исследования по взаимосвязи числа различных пространственных доменов глобулярных белков и общего числа генов в организме. Доклад С.Ф.Чекмарева (Новосибирск), также сотрудничающего с ИЦиГ в рамках Интеграционного проекта СО РАН, был посвящен анализу молекулярной динамики активных сайтов белков.

Сравнительная и эволюционная геномика, компьютерный анализ геномного полиморфизма и эволюции были обсуждены на специальной секции конференции; яркие доклады сделали москвичи В.Макеев, Л.А.Животовский, Е.В.Коротков. Оригинальные доклады были представлены нашими давними коллегами, друзьями, побывавшими на всех конференциях по биоинформатике, проводимых в ИЦиГ с 1990 года, М.С.Гельфандом и А.А.Мироновым. Их доклады были связаны с анализом структуры генов, предсказанием экзон-интронной структуры методами сравнительной геномики.

Виртуальная (электронная) клетка является обобщением задачи анализа геной сетей. Здесь нельзя не отметить яркий доклад В.А.Ратнера «Виртуальная реальность и системы управления», посвященный системам управления в целом. Смелые

обобщения о виртуальности наших представлений в моделировании живого, виртуальности познания, представления человека о мире, изложенные Вадимом Александровичем в его последней публичной лекции, заслуженно вызвали бурю аплодисментов зала, собравшего его учеников и последователей (тяжело говорить о Вадиме Александровиче Ратнере в прошедшем времени...).

Концепция молекулярно-генетических систем управления, разработанная В.А.Ратнером более 30 лет назад, послужила важнейшим шагом к современному моделированию генных сетей.

Крупные международные научные центры и коммерческие компании вкладывают сейчас огромные средства в создание электронной клеточки — полной компьютерной модели, включающей динамику функционирования всех генов организма. Первые такие полномасштабные модели разрабатываются для наиболее изученных небольших прокариотических геномов группой М.Томита (Япония). На этот перспективный проект выделены миллионы долларов. Разработка моделей передачи сигналов в клетке и метаболических путей, развитие соответствующих баз данных и баз знаний были представлены в докладах А.Фрайера и Р.Хофстата (Германия), Д.Рейница, Э.Мьолснесс (США) и М.Самсоновой (Россия, Санкт-Петербург).

Все больший вес в мировых научных исследованиях приобретают экспериментальные подходы к функциональной геномике, связанные с микропробами и биочипами. Обзор методологии компьютерного анализа микропроб был дан в докладе Л.Миланези (Италия).

Тематика конференции включала и высокопроизводительные компьютерные системы в молекулярной биологии и молекулярной генетике, моделирование и вычисления на суперкомпьютерах и на кластерах компьютеров (группах машин, параллельно выполняющих одну прикладную задачу).

Подводя итоги, следует подчеркнуть, что биоинформатика подтверждает свою актуальность сегодня, в «постгеномную эпоху», наступившую после полного секвенирования генома человека в рамках глобальной международной программы в 2000 году. Продолжается работа по проектам секвенирования геномов других организмов, прежде всего прокариот. На сегодняшний день полные последовательности ДНК доступны для 82 организмов; пока писались эти строки, пришло сообщение еще об одном полном геноме. Компьютерное описание, функциональная аннотация, филогенетическое сравнение, анализ путей развития живого, построение полных моделей функционирования — важнейшие задачи, стоящие перед мировым научным сообществом. Говоря о биоинформатике, имеют в виду не просто техническую компьютерную поддержку, а целый свод научных дисциплин. Важнейшей проблемой является моделирование экспрессии генов в норме и в патологии, их взаимодействия в живой клетке, механизмов функционирования генных сетей. Такие исследования открывают путь к практическому применению генодиагностики и геной инженерии. Исследование генных сетей, которое опирается на интенсивное использование специализированных баз данных, содержащих экспериментальную информацию о работе генов, невозможно без применения методов анализа данных и современных компьютерных технологий. Трудно удержать первенство в этой высокотехнологичной сфере. Но несмотря на все экономические потрясения, новосибирская научная школа биоинформатики крепнет и растет.

К началу конференции были выпущены ее материалы, включающие доклады и стендовые сообщения. Примечательно, что выросли и качество подачи материалов, и объем статей (более 700 страниц текста на английском языке). Международное рецензирование принимаемых тезисов повысило рейтинг конференции, тезисы процитированы в системе PubMed. В целом конференция прошла в очень плотном режиме — 7 рабочих дней. На мой взгляд, можно сказать о достижении некоторого предела организации международных встреч в России по количеству участников, после которого идет дальнейшая специализация. По крайней мере, в столицах, по признанию коллег, конференции подобного масштаба в настоящее время организовывать не берутся. Стоит отметить и то, что часть иностранных гостей еще год-два назад были нашими сослуживцами, и представляют теперь американские и европейские научные центры. Укрепление позиций науки в Сибири вызывает у них искреннее удивление и радость.

На конференции была велика часть участников — сотрудников других институтов Академгородка, открывающих для себя в биологии новую сферу применения своего научного потенциала. Растет межинститутская интеграция — список докладчиков тезисов обычно включал представителей разных организаций. Многие работают в рамках продолжающегося Интеграционного проекта СО РАН «Моделирование фундаментальных генетических процессов и систем», объединяющего уже 8 институтов. Инициаторами этого проекта выступили профессор Н.А.Колчанов и член-корреспондент РАН С.С.Гончаров. Межнаучное взаимодействие дает свои результаты. Подготовка к открытию в текущем 2002 году кафедры биоинформатики на ФЕН НГУ, которая велась одновременно с организацией конференции, открывает путь в науку новым поколениям биологов и математиков.

В этом году ИНТАС (Европейская организация содействия ученым из стран бывшего СССР) организовала специальную рабочую встречу, приуроченную к конференции BGRS'2002, для обсуждения проектов сотрудничества Евросоюза и России в области биоинформатики. Стоит остановиться на этом официальном мероприятии подробнее, поскольку на высоком уровне обсуждались не просто научные проблемы, а дальнейшие перспективы финансовой поддержки биологической науки в России. Интерес к Новосибирску был не случаен — СО РАН имеет многолетний опыт и практику организации междисциплинарных исследований в области математики, информатики и естественных наук, в том числе и международный. Официальное признание Европейским союзом биоинформатики в России как одной из приоритетных научных дисциплин наряду с физикой и технологиями военного применения дает российским институтам статус равноправных научных партнеров в 6-й Рамочной программе ЕС.

Уместно отметить введение нового термина — биоматика. Это наука на стыке биологии, математики и информатики. Большой упор здесь сделан на информационные технологии и поддержку информационной структуры — Интернет-доступных баз данных и инструментальных компьютерных средств. Тематика этой науки, наряду с анализом молекулярных структур, геной экспрессией и эволюцией, включает методы распознавания, стохастическое моделирование и лингвистические методы.

Следует подчеркнуть, что рабочая сессия ИНТАС впервые проводилась вне Брюсселя. За круглым столом с флагами всех европейских держав был принят ряд важных решений о создании постоянной рабочей группы по поддержке и отбору международных междисциплинарных проектов на базе Комиссии Евросоюза, РАН, Сибирского отделения РАН и Новосибирского научного центра, подписан совместный меморандум, который начал работать уже сейчас. Готовится подача совместных грантов

в ЕС. Принято решение об организации Международной лаборатории по биоинформатике на базе ИЦиГ СО РАН. Пришли первые письма от европейцев, желающих учиться и работать здесь, в России, в Новосибирске. И конечно же, международное сообщество ждет через два года следующей конференции в Новосибирске — BGRS'2004.

*Ю.Л. Орлов, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск*

Совместно с 3-й Международной конференцией по биоинформатике регуляции и структуры генома BGRS'2002 в июле в Новосибирске прошло рабочее совещание ИНТАС, посвященное проблемам сотрудничества России и европейских стран в области биологии, математики, информационных технологий. Решения, принятые на данном совещании, имеют большое значение для дальнейших научных исследований.

## **«ВЗАИМОПРОНИКНОВЕНИЕ МАТЕМАТИКИ, ЕСТЕСТВЕННЫХ НАУК И ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ: БИОМАТИКА КАК НАУКА МНОГООБРАЗНОЙ СЛОЖНОСТИ»**

Итоговый документ рабочего совещания ИНТАС

Возможности будущего сотрудничества с СНГ

### **Обоснование**

Рабочее совещание должно четко определить возможности сотрудничества в передовом для настоящего времени направлении компьютерной биологии. Совещание должно сосредоточить внимание на мультидисциплинарном подходе, который бы соединил такие области научных исследований, как математика, компьютерные науки, молекулярная биология, биохимия, фармацевтика и медицина, собрав вместе ученых и администраторов научной деятельности из стран СНГ и стран-участников фонда ИНТАС. Темы, представляющие взаимный интерес, связаны с совместным применением топологии, логического анализа, компьютерных методов для решения биологических задач, а также с построением биологических моделей, используемых при создании алгоритмов для комплексного моделирования биологических систем. В рамках этой концепции будут рассматриваться биоразнообразие, изучение и понимание, множественная геометрия, представление знаний, стохастическое моделирование, последовательности и графы, лингвистические методы, равно как и молекулярные структуры, экспрессия генов, структуры сетей, распознавание, изменчивость и регуляция, геномика и протеомика, эволюция и метаболические пути.

### **Цели рабочего совещания**

1. Определить перспективные направления исследований для стран СНГ и Европы в области геномики.
2. Выявить общие интересы в исследованиях.
3. Обсудить возможные действия для стимулирования сотрудничества между странами СНГ и Европы в области геномики.
4. Обсудить возможности для создания условий, способствующих укреплению сотрудничества на национальном и международном уровнях.
5. Определить, каким образом ИНТАС может укрепить международное научно-исследовательское сотрудничество по направлениям, заданным Шестой рамочной программой и странами-членами ИНТАС, и найти области взаимодействия с другими источниками финансирования в европейских странах.
6. Выдвинуть предложения для тематических и совместных работ.

### **Участники**

В рабочем совещании принимали участие представители финансирующих организаций из СНГ и стран-участников ИНТАС и ученые, занимающиеся исследованиями в области естественных наук, информационных технологий и математики.

### **Организация**

Рабочее совещание было организовано совместно ИНТАС и Институтом цитологии и генетики Сибирского отделения Российской Академии наук и проходило в Новосибирске как продолжение III Международной конференции по биоинформатике структуры и регуляции генома.

### **Новые направления в науке на границе математики, естественных наук и информационных технологий**

Представленные доклады отражали различные аспекты биоинформатики, т.е. науки, лежащей на границе **БИО**логии, **ИНФОР**матики и **МАТЕМАТИКИ**. В биологической части были показаны новые разработки и перспективы моделирования сложных систем, описывающих заболевания, связанные с нарушениями метаболизма. Кроме того, были представлены новые компьютерные программы для предсказания различных аспектов структуры белков. В одном из докладов на тему здравоохранения было наглядно продемонстрировано, какие преимущества может дать использование этих технологий для укрепления и расширения сотрудничества и передачи полученных знаний вне зависимости от расстояний. Обсуждалась также возможность использования новых языков для более эффективного моделирования метаболических путей и генных сетей. Было наглядно показано, что применение статистических методов при исследовании молекулярной популяционной генетики имеет большие перспективы.

Проведенные обсуждения продемонстрировали, что биоинформатика, или биоматика, является в настоящее время общепризнанной областью науки и несет большой потенциал для решения в будущем актуальных проблем и получения новых

знаний. Совершенно очевидно, что обе стороны имеют и опыт работы в этом направлении, и соответствующие разработки, и ноу-хау. Для этого научного направления характерными являются междисциплинарность, взаимное дополнение и конкуренция. Развитие работ в области биоматики, несомненно, предоставит уникальные возможности для дальнейшего эффективного сотрудничества на самом высоком научном уровне.

### **Международные и национальные схемы финансирования научного сотрудничества**

Представленные доклады продемонстрировали, что существует целый ряд возможностей для финансирования совместных работ. Следует отметить, что эти схемы во многих случаях существуют независимо и не дополняют друг друга. Были обсуждены предложения о том, как наилучшим образом организовать целевое финансирование. В ходе рабочего совещания обсуждались схемы совместного финансирования интеграционных научно-исследовательских программ, используемые в настоящее время фондом ИНТАС, РФФИ и Министерством промышленности, науки и технологий. Кроме того, СО РАН готово предоставить весь свой опыт в организации и руководстве междисциплинарными интеграционными исследованиями с акцентом на исследования в области биоинформатики.

Для развития работ в этом направлении необходимо будет проведение независимой оценки представленных предложений группой международных экспертов. Современная информационно-технологическая сеть, которая уже имеется в Новосибирске и будет в дальнейшем развиваться, представляет собой прекрасную основу инфраструктуры для дальнейшего сотрудничества в области биоинформатики.

Участники рабочего совещания высказали пожелание о включении в программу сотрудничества в этой области системы аспирантуры по специальности «Биоинформатика» с целью подготовки молодых специалистов по этому направлению, необходимость в которых в настоящее время очевидна для обеих сторон.

Кроме обычной системы стипендий, очевидна необходимость в разработке и внедрении программ, которые помогали бы молодым ученым-руководителям групп организовывать научные коллективы, например, по возвращении со стажировки в западных странах.

### **Сотрудничество: проблемы**

Целый ряд проблем, возникающих при развитии сотрудничества, был обсужден в ходе дискуссий за круглым столом. Основной проблемой является недостаток информации о потенциальных партнерах и источниках финансирования, и это несмотря на то, что эта информация общедоступна. Для решения этой проблемы необходимо создать в Новосибирске структуру, которая бы предоставляла и распространяла информацию о возможностях финансирования и осуществляла бы поиск партнеров. Как оказалось, не во всех случаях было понятно, что западные фонды проводят финансирование на соревновательной основе. Другая группа проблем связана с различиями в сфере культуры. Есть также проблемы, связанные с продолжением начатого сотрудничества по окончании финансирования конкретных проектов. Чрезвычайно важно, чтобы обе стороны достигли одинакового понимания того, что должно делаться и кто должен это делать. Кроме того, ряд проблем связан с вопросами управления и инфраструктуры. К сожалению, очень многие программы финансирования совместных исследований перегружены бюрократическими процедурами. Участникам из стран СНГ во многих случаях все еще необходима помощь при подготовке конкурентоспособных предложений по проектам. Резервы фонда ИНТАС для финансирования совместных проектов слишком ограничены. Участники рабочего совещания говорили о необходимости создания стратегии повышения информированности общественности о плюсах и минусах биоинформатики. Как западные участники рабочего совещания, так и участники из СНГ поддерживают предложение об организации Центра по биоинформатике в России. Участники рабочего совещания высказались за то, чтобы Новосибирск был включен в ряд городов, где будут развиваться передовые направления биоинформатики. Для обеспечения финансовой поддержки сотрудничества необходимо привлечь большее число частных компаний, хотя в настоящее время налоговые проблемы все еще препятствуют более интенсивному сотрудничеству между наукой и промышленностью.

### **Примеры сотрудничества между странами СНГ и Европы**

Представленные доклады показали, что три типа научного сотрудничества оказались хорошо приспособленными к существующей ситуации и реализуются весьма успешно. Во-первых, это организация объединенных международных институтов, примером чего является французско-российский Институт вычислительных технологий и прикладной математики им. А.М.Ляпунова. Этот институт осуществляет сотрудничество на самой стабильной основе из всех возможных. Кроме того, такие институты можно рассматривать как центры «кристаллизации» для научного сотрудничества в будущем. Одним из типичных способов организации сотрудничества можно считать личные контакты и взаимодействия отдельных ученых, базирующиеся на их персональных интересах. Этот тип организации сотрудничества является очень гибким и как нельзя более подходит для различных направлений фундаментальных исследований. С другой стороны, этот вид сотрудничества зависит напрямую как от внешнего финансирования через какой-либо проект или стипендию, так и от личной инициативы самих ученых. Третий тип представляет коммерческое сотрудничество между частной компанией и институтом одной из стран СНГ. Для этого типа сотрудничества характерны четко определенные цели, задачи и конечный продукт работы. Для его успешной реализации необходимо, чтобы оба партнера имели взаимные интересы, а также располагали средствами разрешения возникающих проблем. На настоящий момент налоговое законодательство России не благоприятствует развитию сотрудничества этого типа.

### **Как можно укрепить сотрудничество**

Обсуждался целый ряд предложений по укреплению сотрудничества. Решение некоторых поставленных вопросов находится за рамками возможностей участников рабочего совещания. Это, в частности, увеличение финансовой поддержки научного сотрудничества, возможность адаптации финансирования через гранты к конкретным ситуациям, упрощение процедур получения виз, проблемы языка и доступности специальной литературы.

Специального внимания и немедленных действий требует решение проблемы поиска потенциальных партнеров. В этой связи одним из предложений рабочего совещания является создание специализированной базы данных, содержащей информацию обо всех институтах и исследовательских коллективах, которые уже участвуют в международном сотрудничестве или готовы

потенциально принять в нем участие. Такая база данных могла бы быть подсоединена к одному из веб-порталов, посвященных поиску потенциальных партнеров или возможностей сотрудничества. Соответственно такой портал может внести большой вклад в объединение различных исследовательских коллективов, занимающихся проблемами в области биоинформатики. Информацию же об условиях финансирования и направлениях возможного сотрудничества можно распространять по электронной почте.

Необходимо предпринять попытку привлечь новосибирские институты, ведущие исследования по биоинформатике, к работе целой сети европейских институтов и коллективов, занятых развитием передовых направлений биоинформатики. Участники рабочего совещания считают, что в этом направлении существуют блестящие перспективы взаимовыгодного сотрудничества на высочайшем научном уровне во всех сферах от образования и фундаментальных исследований до прикладных разработок. Необходимо найти возможность включить новосибирские институты в деятельность по созданию и развитию центров по передовым исследованиям в области биоинформатики, что запланировано в Шестой рамочной программе.

Одной из насущных проблем являются гранты для молодых ученых, которые могут возглавить исследовательские группы по возвращении после долгосрочных стажировок за рубежом. Привлечение талантливых молодых ученых из стран СНГ к руководству научными исследованиями — это один из перспективных подходов, который способствовал бы компенсации недостаточного уровня подготовки научных сотрудников.

Кроме того, необходимо создать прозрачную систему экспертной оценки проектов, которая могла бы также использоваться в странах СНГ и на уровне отдельных организаций.

Необходимо организовать рабочие совещания с участием как ученых, так и финансирующих организаций, представляющих обе стороны, для разработки плана стратегических действий, которые оказали бы поддержку развитию сотрудничества в области биоинформатики/биоматики. Включение образовательного процесса как составной части в программу этого сотрудничества существенно улучшит подготовку квалифицированных специалистов, способных проводить междисциплинарные исследования в области естественных наук, математики и информационных технологий. Кроме того, необходимо, чтобы программы по обмену научными сотрудниками предоставляли возможность ученым из европейских стран посещать институты в странах СНГ.

Другим важным аспектом этого вопроса является привлечение частных компаний. Необходимо, чтобы различные программы финансирования научных исследований (и соответствующие правила, определяемые этими программами) позволяли частным компаниям участвовать в финансировании научных разработок в СНГ через соответствующие финансирующие организации. Это даст возможность поддерживать необходимую основу для проведения научных исследований на местах. Кроме того, необходимы программы, которые позволили бы создать новые компании в этом регионе.

#### **Предложения на будущее**

Несомненно, что биоинформатика является чрезвычайно перспективным научным направлением, которое требует как сложных междисциплинарных исследований, так и тесного международного сотрудничества. В этой связи целенаправленные действия различных финансирующих организаций и ведомств могли бы внести существенный вклад в развитие этого направления сотрудничества. Быстрое развитие этой области науки требует комплексного подхода, начиная с поддержки соответствующего образования и фундаментальных исследований до прикладных разработок, даже с привлечением средств частных компаний. В этом направлении можно ожидать очень быстрого скачка от получения знаний к экономическим выходам.

С учетом сильных сторон и приоритетных направлений прекрасной перспективой для сотрудничества ученых из стран СНГ и ЕЭС может быть разработка технологий моделирования сверхсложных динамических систем или молекулярно-генетических систем вплоть до создания модели виртуальной клетки. Получение значимых результатов в этой области исследований потребует создания новых информационных технологий и математических инструментов. Более того, необходимыми окажутся и дальнейшие разработки использовавшихся до настоящего времени математических концепций. Использование подхода, основанного на динамических системах, с учетом топологических свойств, лежащих в их основе, приведет к глобальным выводам в области интерпретации фазовых пространств, содержащих разномасштабные структуры дискретной, непрерывной или смешанной природы. Взаимопроникновение дискретных и непрерывных свойств — это одно из основных направлений разработок в области математики, которые необходимы для междисциплинарных исследований. В ближайшем будущем нужно ожидать большего, чем просто появления новых методов, а именно появления совершенно новой теории сложных многоуровневых биологических систем, которая обеспечит прорыв и откроет принципиально новые возможности для представления биологических объектов и их моделирования.

Целенаправленные действия различных организаций из стран-членов ИНТАС с использованием механизмов ИНТАС и Шестой рамочной программы наилучшим образом могли бы поддержать быстрое развитие сложных систем в рамках этого научного направления. Для поддержания набранной скорости развития исследований в области биоинформатики остро необходимо сотрудничество с целым рядом партнеров.

Необходимо отработать механизмы взаимодействия для организации междисциплинарных исследований на границе математики, биологии и информатики между: 1) ИНТАС и Российским фондом фундаментальных исследований; 2) Шестой рамочной программой и Министерством промышленности, науки и технологий Российской Федерации и 3) Министерством образования Российской Федерации и Европейским экономическим сообществом. Необходимо установить контакты с другими странами-членами ИНТАС и дать им возможность присоединиться к этому направлению. Следует подготовить соглашения между ИНТАС, Шестой рамочной программой и другими научными фондами Европейского сообщества по проведению конкурсов совместных проектов организаций и институтов из стран СНГ и ЕЭС в области биоматики.

Необходимо организовать специальный международный центр междисциплинарных исследований в области математики, естественных наук и информационных технологий для выявления и решения проблем сотрудничества в этой области на основе взаимодействия между странами-членами ИНТАС, собственно фондом ИНТАС, Шестой рамочной программой и, наконец, Сибирским отделением Российской академии наук, которое будет представлять собой ядро всех последующих действий в этом направлении.

С участием крупных организаций из стран СНГ и ЕЭС (РФФИ, Российская Академия наук, Сибирское отделение Российской Академии наук, ИНТАС, Министерство науки России и других стран ЕЭС и СНГ, научные программы НАТО, Шестая рамочная программа и др.) необходимо разработать систему для эффективного обмена информацией через интернет и поиска партнеров для проведения междисциплинарных исследований.

Необходимо разработать эффективные механизмы обмена информацией, которые бы представляли интересы частных компаний, исследовательских институтов, университетов и других частных организаций, и разработать схемы финансирования для формирования и распределения финансового потока, полученного от различных источников, для реализации совместных междисциплинарных исследований в области биоинформатики. Представляется удобным разработать эти механизмы в рамках Шестой рамочной программы.

Необходимо создать эффективные механизмы для подготовки квалифицированных специалистов с целью проведения междисциплинарных исследований и формирования исследовательских коллективов, которые могли бы реализовать долгосрочные передовые исследования и технологии в области математики, естественных наук и информатики. Новосибирский государственный университет (кафедра информационной биологии) совместно с Сибирским отделением Российской Академии наук (Институт цитологии и генетики) могли бы принять участие в международном проекте, направленном на разработку новых технологий подготовки специалистов в области биоинформатики. Организацию Международного учебного центра по биоматике следует рассматривать как основную цель этого сотрудничества.

Все участники рабочего совещания готовы и далее поддерживать развитие сотрудничества в области биоинформатики в качестве виртуальной рабочей группы.