

$$m_i = (V \cdot d)_i, \quad (5)$$

$$V_i = (s \cdot h)_i. \quad (6)$$

Таким образом, предлагается использовать известный математический инструмент для оценки устойчивости МУ, представленного в виде геометрического образа пирамиды.

1. Самосудов М. В. «Современная конкуренция» (2008)
2. Трение скольжения и трение качения URL: http://nwpi_fsa.../statika/4.htm
3. Центр масс тела. URL: http://pace.ru/tsentr_mass_tela_ravnovesie_massa_tela

ПЕРСПЕКТИВЫ И ПРОБЛЕМЫ СЕКВЕНИРОВАНИЯ МИКРООРГАНИЗМОВ И ВИРУСОВ

Катаев Я.И., Кирияков В.С.*

Уральский федеральный университет имени первого Президента России
Б.Н. Ельцина, г. Екатеринбург, Россия

*E-mail: kiryakov.victor@yandex.ru

PROSPECTS AND PROBLEMS OF SEQUENCING MICROORGANISMS AND VIRUSES

Katayev Y.I. , Kiryakov V.S.*

Ural Federal University, Yekaterinburg, Russia

Nowadays medicine needs to use all modern biotechnical devices to increase the results of treatment. Sequencing allows one to reduce the time of pathogen diagnostic. This become possible by new bioinformatic methods that can predict properties of pathogen by using of special databases.

Секвенирование открыло практической медицине новый спектр возможностей в диагностике различных инфекционных заболеваний. Среди существующего множества методов секвенирования одним из самых точных и быстрых является «Sequence by synthesis», который использует нуклеотиды с флуоресцентной меткой. Применение данной методики позволяет с высокой точностью определять первоначальную структуру нуклеиновой кислоты [1].

Целью данной работы является оценка возможностей применения методов секвенирования для решения медицинских задач и определение трудностей, мешающих внедрению технологии.

Проведенный анализ литературных данных показал, что в отличие от классических микробиологических и вирусологических методов исследований, се-

квенирование позволяет работать с трудно- и некультивируемыми микроорганизмами при малых концентрациях возбудителей инфекционных заболеваний [2]. Метод может быть использован для мониторинга внутрибольничных инфекций в медицинских учреждениях и определения резистентности к антибиотикам посредством анализа генетического кода и обнаружения генов, ответственных за нее [1]. Кроме того, он позволяет наблюдать за миграцией возбудителей и определять их «генетическую родину». Секвенирование дает возможность отслеживать мутационные изменения возбудителей инфекционных заболеваний, а также выявлять ранее неизвестные патогены.

Одним из самых сложных этапов секвенирования является обработка полученных результатов и сравнение их с уже известной информацией, хранящейся в специализированных базах данных, таких как: “Databases on medicine and molecular biology” [2].

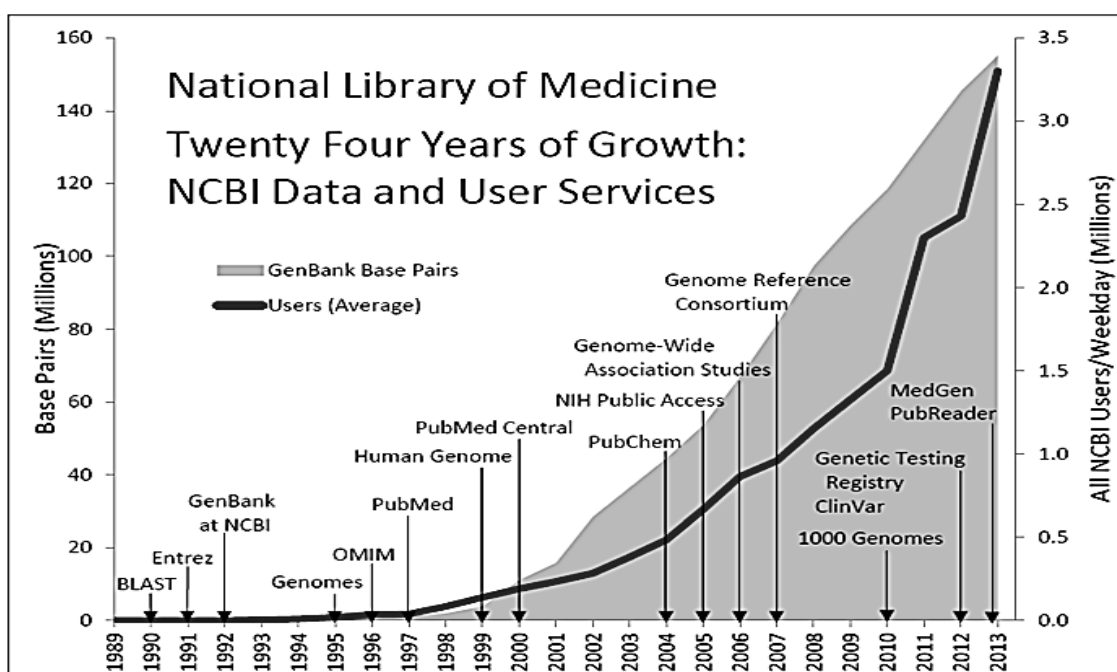


Рис. 1. Динамика накопления базы данных секвенированных организмов (миллиарды пар оснований) в базе данных «Национальным центром биотехнологической информации» (США)

В связи с этим необходимо создание алгоритмов биоинформатической обработки данных, а также генерация собственных региональных баз данных секвенированных микроорганизмов. Кроме того, необходимо создание специализированного программного обеспечение для работы с такими базами, либо адаптация уже существующего. Это показывает, что задачи обработки биоинформации важнее, нежели непосредственное ее получение.

1. Robert C. Green, Heidi L. Rehm, “Clinical Genome Sequencing” (Genomic and Personalized Medicine, 2nd edition).
2. Genomic Data Resources: Challenges and Promises (Nature Education, 2008).