

ПРЕДИСЛОВИЕ

Главная особенность современной биоинформатики и системной биологии – глубокая интеграция с высокопроизводительными экспериментальными и компьютерными технологиями.

За последние 15 лет молекулярная биология и генетика вышли на качественно новый уровень исследований, основанных на использовании высокопроизводительных экспериментальных технологий, таких как скоростное секвенирование геномной ДНК, многолокусное генотипирование, многопараметрическое профилирование экспрессии генов с использованием ДНК-чипов, ChIP-on-chip технологий, MPSS, протеомных технологий, позволяющих анализировать протеомы органов, тканей и групп клеток с масс-спектрометрической расшифровкой аминокислотных последовательностей белков и т. д.

В связи с беспрецедентно огромными объемами данных, генерируемых современной экспериментальной биологией, критически возрастает роль таких научных направлений, как биоинформатика и системная компьютерная биология, обеспечивающих возможность автоматического конвейерного анализа и интерпретации получаемых экспериментальных данных, моделирования биологических систем и процессов.

Системная компьютерная биология имеет важнейшее значение для решения широкого круга прикладных задач в области биомедицины (моделирование механизмов возникновения патологий) и биотехнологии (моделирование и оптимизация метаболических путей при созда-

нии бактериальных штаммов-суперпродуцентов, планирование экспериментов по созданию генетически модифицированных организмов с заданными целевыми свойствами).

Наиболее перспективным путем развития исследований в области молекулярной генетики и биотехнологии является симбиоз теоретических, компьютерных и экспериментальных подходов.

В настоящем выпуске журнала представлены результаты исследований, проводимых в СО РАН по различным направлениям как биоинформатики и системной компьютерной биологии, так и генетической и метаболической инженерии и биотехнологии, включая разработку методов и программных систем оценки влияния однонуклеотидных полиморфизмов на развитие социально значимых заболеваний, генерации Web-сервисов и вычислительных конвейеров для унифицированного доступа к ресурсам в области биоинформатики; компьютерный анализ данных по экспрессии генов в клетках мозга; моделирование механики и морфодинамики растений; построение сегрегационных моделей сложных количественных признаков; комплексные экспериментально-биоинформатические исследования в области генетической и метаболической инженерии, ориентированные на получение этанола и органических кислот; анализ перспективных свойств бактерий, обладающих липолитической активностью, а также исследование свойств термостабильных липаз.

Приглашенные редакторы

Н.А. Колчанов
Н.Л. Подколотный
С.Е. Пельтек
Ю.Л. Орлов