

Предлагаемый вниманию читателя выпуск журнала посвящен ряду актуальных направлений биоинформатики, системной биологии, биомедицины, экологической и популяционной генетики, технологий генетики и клеточной биологии.

Раздел «Структура и взаимодействие макромолекул» состоит из двух статей. В первой из них описаны алгоритмы моделирования траектории молекулы ДНК с использованием кватернионов – системы гиперкомплексных чисел, удобной для представления операций вращения и смещения объектов в 3D пространстве. В сравнении с матрицами они обладают большей вычислительной устойчивостью и эффективностью. Во второй статье рассмотрено взаимодействие белок–ДНК на основе статистического анализа межатомных контактов в большой и малой бороздках ДНК.

Обзор информационных ресурсов по генным сетям человека и животных, которые важны для реконструкции моделей генных сетей, открывает рубрику «Системная биология человека и животных». В следующей статье представлены результаты оригинального исследования тканеспецифичности циркадных фазовых характеристик биологических процессов, полученные на основе сравнительного анализа экспериментальных данных по суточной динамике уровня трансляции генов мыши. Для двенадцати временных точек суток в каждой ткани (печень, почки) выделены группы генов, находящиеся в фазе с повышенным уровнем трансляции, для которых проведен анализ обогащения терминами GO. Благодаря этому выявлены циркадные паттерны биологических процессов и проведено сравнение временной активности биологических процессов в течение суток в различных органах. Последняя статья раздела посвящена взаимосвязи нейронального апоптоза и агрессивного поведения крыс. Комплексный анализ экспрессионных и геномных данных у серых крыс с агрессивным и дружелюбным поведением, а также ассоциативных генных сетей позволил выявить набор генов,

потенциально участвующих в регуляции нейронального апоптоза посредством молекулярно-генетических взаимодействий с генами/белками, напрямую вовлеченными в нейрональный апоптоз.

Серия статей по выявлению перспективных SNP-маркеров канцерогенеза, анализу экспрессионных профилей больных злокачественной меланомой в зависимости от лечения, исследованию влияния ингибирования гексокиназы 2 на фосфорилирование глюкозы, влиянию стресса на ранней стадии беременности у крыс линии OXYS на их потомство представлена в разделе «Системная биология и биомедицина». Эти работы связаны с развитием концепции персонализированной медицины, которая во многом опирается на современные методы системной биологии и молекулярной генетики.

Раздел «Экологическая и популяционная генетика» открывает статья, в которой суммированы результаты исследований распространенности паразитов в различных популяциях пчел и шмелей. Другое интересное исследование, посвященное анализу генетических и биохимических характеристик стафилококков, распространенных в Новосибирске, имеет не только теоретическое, но и прикладное значение для принятия решений в лечении стафилококковых инфекций. Авторы следующей работы изучают разнообразие природных пептидаз на основе филогенетического анализа микробного сообщества, живущего в экстремальных температурных условиях, что может получить применение в современных биотехнологиях. В последней статье раздела представлены исследования полиморфизмов в популяциях коренного населения Сибири.

И наконец, завершает выпуск журнала рубрика, посвященная актуальным технологиям генетики и клеточной биологии. В двух обзорных статьях рассмотрен вопрос применения и перспектив дальнейшего развития методов геномного редактирования дрожжей, а также описаны методы генетической инженерии растений, в частности использование растительных систем экспрессии в качестве продуцентов рекомбинантных фармацевтически ценных белков. Оригинальные исследования знакомят с технологией создания стабильного штамма-продуцента полноразмерного антитела человека на примере антитела против вируса экстремелии и с технологией создания кандидатной вакцины против клещевого энцефалита на основе гибридного рекомбинантного flagG-protE-белка.

*Научные редакторы:
академик Н.А. Колчанов,
заведующий ЦКП «Биоинформатика» Н.Л. Подкольный,
заместитель директора по научной работе С.Е. Пельтек*