

Уважаемые коллеги, дорогие читатели!

Представляем Вашему вниманию очередную выпуск «Вавиловского журнала генетики и селекции», посвященный вопросам биоинформатики и системной компьютерной биологии. С появлением массового секвенирования геномов началась разработка обширного арсенала методов биоинформатики для анализа структурно-функциональной организации геномов, генов и кодируемых ими РНК и белков, а также подходов системной компьютерной биологии, ориентированных на реконструкцию, анализ и моделирование генных сетей, контролирующих формирование фенотипических признаков организмов на основе информации, закодированной в геномах, и функционирующих на различных иерархических уровнях организации живых систем (начиная с геномов, генов, белков, метаболических путей и генных сетей, включая клетки и ткани, и заканчивая целостными организмами).

Методы биоинформатики и системной компьютерной биологии прочно вошли в арсенал исследовательских инструментов, используемых во всех областях наук о жизни. Однако в последнее десятилетие их значимость еще более возросла: в связи со стре-

мительным развитием омиксных технологий (геномики, транскриптомики, протеомики, метаболомики) и других высокопроизводительных методов экспериментального исследования молекулярно-генетических систем и процессов в генетике произошел информационный взрыв. Она стала главным источником больших данных, перегнав по темпам роста не только все другие науки и технологии, но и мировые социальные сети. Огромные объемы и сложность накапливаемых в настоящее время больших генетических данных требуют создания информационно-программных комплексов, основанных на новом поколении методов биоинформатики и системной компьютерной биологии, использующих вычислительные конвейеры, реализующих сложные сценарии анализа и интегрирующих большое количество разнообразных программных продуктов и баз данных, полученных в том числе с помощью методов искусственного интеллекта.

Новая эра больших данных, в которую входят науки о жизни, требует трансформации базовых подходов биоинформатики и системной компьютерной биологии. В чем это проявляется? Во-первых, в широком применении методов искусственного интеллекта и их интеграции с классическими методами биоинформатики и системной компьютерной биологии. Во-вторых, в разработке на этой основе нового поколения информационно-программных систем для планирования экспериментов по проверке результатов компьютерных предсказаний, полученных при анализе больших генетических данных. Движение в этом направлении будет означать фактически смену базовой парадигмы исследований: от науки, направляемой гипотезами, к науке, направляемой большими данными. Биоинформатика и системная компьютерная биология, которым посвящен данный выпуск журнала, находятся на острие этого движения к новой биологии.

*Научный редактор выпуска
академик Н.А. Колчанов,
научный руководитель ФИЦ ИЦиГ СО РАН*