

## ПРЕДИСЛОВИЕ

Бурное развитие экспериментальных технологий в таких областях современной биологии, как геномика, транскриптомика, протеомика, молекулярная и клеточная биология, генетика, физиология, биомедицина, биотехнология и других, привело к появлению огромных объемов информации о различных аспектах организации и функционирования живых систем.

Выявление общих принципов, стоящих за единичными фактами, изучение тех или иных отношений между индивидуальными феноменами, систематизация и интерпретация беспрецедентно огромных объемов данных, генерируемых современной экспериментальной биологией, невозможны без привлечения современных информационных технологий, эффективных методов компьютерного анализа данных и математического моделирования биологических систем и процессов на различных уровнях организации живой материи: от молекулярно-генетического до экосистемного и биосферного. В связи с этим критически возрастает роль таких научных направлений, как биоинформатика и системная компьютерная биология.

К числу ключевых задач биоинформатики относятся:

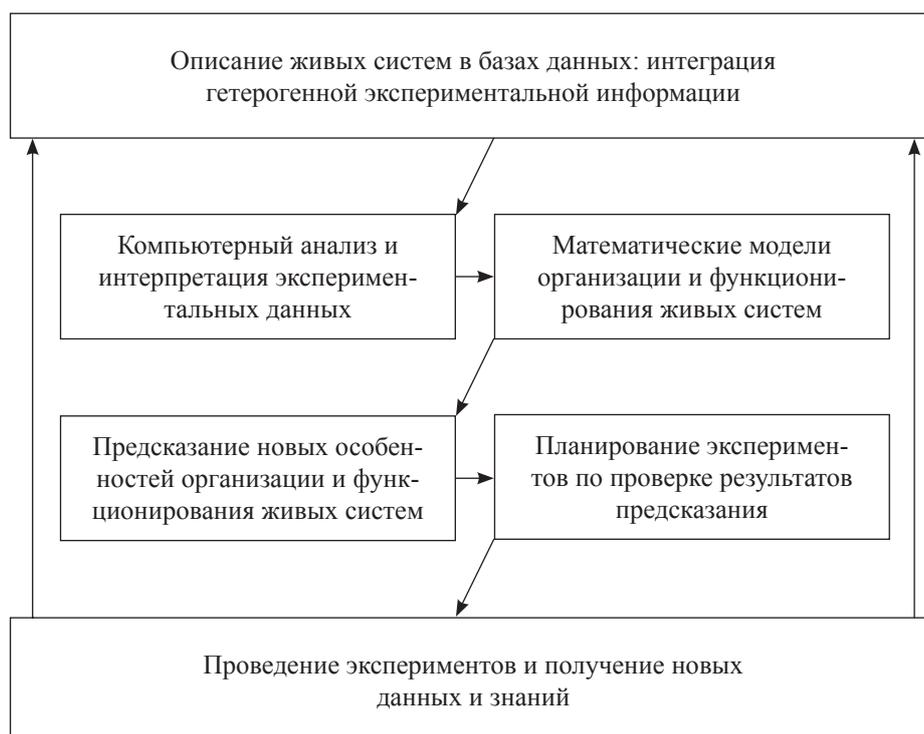
- создание баз данных и баз знаний;
- интеграция геномной, транскриптомной, протеомной, метаболомной информации, получаемой из гетерогенных распределенных источников экспериментальной данных;
- автоматическое извлечение знаний из текстов научных публикаций и фактографических баз данных (text and data mining);
- разработка алгоритмов и программного обеспечения для анализа биологических экспериментальных данных;
- разработка программного обеспечения для суперкомпьютерных вычислений;
- создание компьютерных систем конвейерного анализа сложных данных.

Биоинформатика имеет важнейшее значение для ассемблирования геномов и метагеномов, их функциональной аннотации, предска-

ния генов и их регуляторных районов, реконструкции пространственной структуры белков, предсказания их функции и др.

Следует подчеркнуть, что ни один, даже самый совершенный, экспериментальный подход сам по себе не может дать целостного представления об изучаемых биологических системах. В ответ на этот вызов возникло новое междисциплинарное направление исследований – системная компьютерная биология (СКБ). Ее задача – получение целостного комплексного представления о структурной организации и механизмах функционирования живых систем. Важнейшей составляющей исследовательского процесса в биоинформатике и системной компьютерной биологии стал вычислительный эксперимент. Системная компьютерная биология сформировалась как наука, когда она приобрела способность к количественному предсказанию и планированию эксперимента (рис.).

К числу важнейших задач СКБ относятся: реконструкция генных сетей на основе экспериментальных данных геномики, протеомики, транскриптомики и других экспериментальных технологий современной молекулярной и клеточной биологии; математическое моделирование генных сетей и молекулярно-генетических систем и процессов, контролирующих формирование фенотипических характеристик организмов на биохимическом, клеточном, физиологическом, морфологическом уровнях организации живых систем; математическое моделирование процессов морфогенеза, а также компьютерный анализ и математическое моделирование процессов молекулярной эволюции сложных молекулярно-генетических систем. 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 создании бактериальных штаммов-суперпродуцентов, планирование экспериментов по созданию генетически



**Рис.** Цикл исследований в системной компьютерной биологии.

модифицированных растений и животных с заданными целевыми свойствами).

В настоящем выпуске журнала представлены результаты исследований, проводимых в СО РАН по различным направлениям биоинформатики и системной компьютерной биологии, включая разработку программно-информационных систем в области компьютерной геномики, компьютерной транскриптомики, исследования механизмов регуляции транскрипции и трансля-

ции, компьютерной протеомики, реконструкции и моделирования генных сетей, моделирования пространственно распределенных процессов морфологии, моделирования эволюции бактериальных сообществ, а также разработку специализированных Web-порталов для поддержки экспериментальных исследований и программных средств для управления сценариями конвейерной обработки данных и проведения вычислительных экспериментов.

**Н.А. Колчанов**  
**Приглашенный редактор Н.Л. Подколотный**