



Н.А. Колчанов



Ю.Г. Матушкин

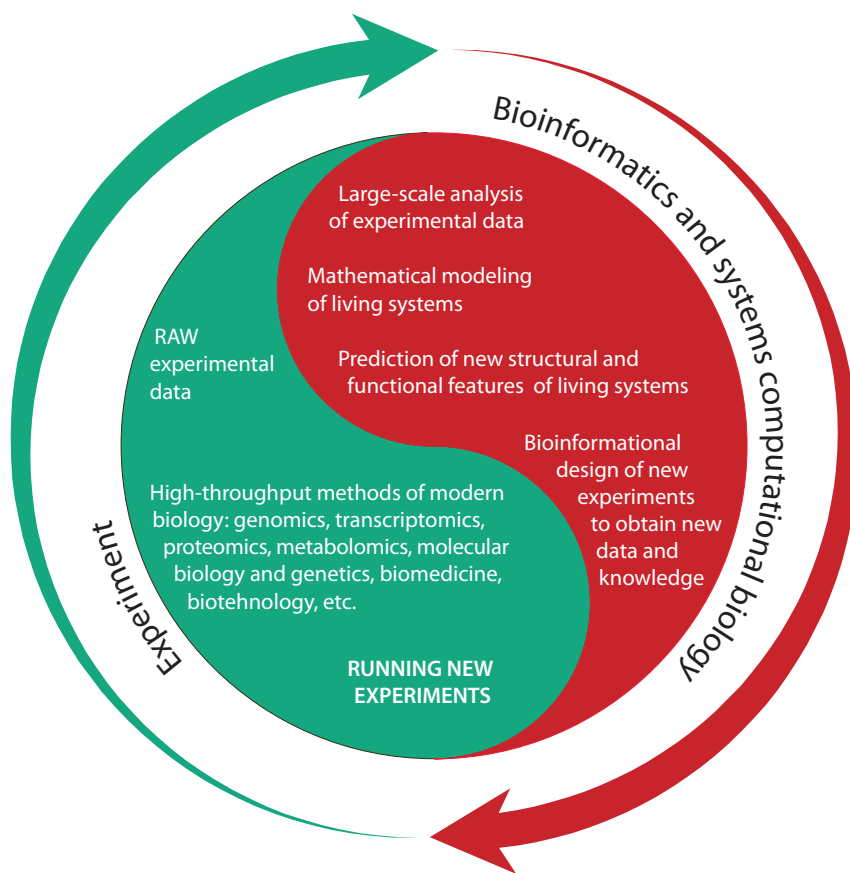
В последние 15 лет в генетике происходит информационный взрыв, обусловленный появлением эффективных методов расшифровки геномов и, как следствие, снижением более чем на четыре порядка стоимости геномного секвенирования. В результате этого науки о жизни стали главным источником больших данных, обогнав по темпам роста не только другие научные направления, но даже социальные сети. Одновременно совершенствовались экспериментальные методы транскриптомного, протеомного, метаболомного и других видов исследований. Все это создало грандиозный вызов для биоинформатики и системной компьютерной биологии, поскольку темпы генерации геномных и других типов данных намного опережают возможности их глубокого компьютерного анализа.

Объем и сложность этих данных настолько велики, что их понимание, интерпретация и, тем более, практическое применение невозможны без использования новых информационных технологий, эффективных методов анализа данных и компьютерного моделирования живых систем. На наших глазах возникает новая биология, ключевой особенностью которой является тесная интеграция экспериментальных и компьютерных подходов. Она включает:

- накопление больших объемов экспериментальных данных о структурной и функциональной организации живых систем, процессов и структур;
- крупномасштабный анализ получаемой экспериментальной информации в контексте накопленных ранее больших данных (молекулярно-биологических, генетических, биохимических, физиологических и др.);
- компьютерное моделирование изучаемых систем, процессов и структур на различных иерархических уровнях их организации;
- предсказание новых свойств и изучаемых живых систем на основе результатов анализа и моделирования;
- планирование новых экспериментов для подтверждения результатов предсказаний и прогнозов и, наконец, проведение новых экспериментов и получение новых данных и знаний.

И вот таким образом стремительно развивается новая биология, движущей силой которой является интеграция экспериментальных и компьютерных подходов. В этой интеграции важнейшую роль играют:

- а) биоинформатика, обеспечивающая хранение, обработку и анализ больших данных, получаемых с помощью методов геномики, транскриптомики, протеомики, метаболомики и других высокопроизводительных экспериментальных технологий, а также
- б) системная компьютерная биология, к числу ключевых задач которой относятся реконструкция, компьютерный анализ и моделирование генных сетей и молекулярно-генетических систем, ответственных за контроль процессов формирования молекулярно-генетических, биохимических, физиологических, структурно-морфологических, поведенческих и других характеристик человека, животных, растений и микроорганизмов на основе информации, закодированной в их геномах.



При этом биоинформатика и системная компьютерная биология имеют важнейшее значение не только для проведения фундаментальных исследований, но и для решения практических задач в интересах сельского хозяйства, биомедицины, фармакологии, биотехнологий, экологии и множества других направлений в науках о жизни и междисциплинарных исследованиях.

В очередной выпуск «Вавиловского журнала генетики и селекции» включены статьи, подготовленные по материалам ряда докладов, представленных на 13-й между-

народной мультikonференции «Биоинформатика регуляции геномов/системная биология» (4–8 июля 2022 г.) по таким направлениям, как компьютерный анализ бактериальных и митохондриальных геномов, компьютерная вирусология (взаимодействия в системе «вирус–хозяин»), рациональная инженерия метаболических путей бактерий, моделирование динамики генных сетей и процессы морфогенеза растений, эволюционная компьютерная биология, экспериментально-компьютерная психология и ряд других.

Научные редакторы выпуска:

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

*канд. биол. наук Ю.Г. Матушкин,
вед. науч. сотрудник ФИЦ ИЦиГ СО РАН*