

ПРЕДИСЛОВИЕ

Развитие новых высокопроизводительных экспериментальных технологий в области молекулярной биологии и генетики привело к возможности генерации беспрецедентно огромных объемов данных, описывающих особенности работы клетки на молекулярном уровне. В связи с этим критически возрастает роль таких научных направлений, как биоинформатика и системная компьютерная биология, обеспечивающих возможность автоматического конвейерного анализа и интерпретацию получаемых экспериментальных данных, моделирования биологических систем и процессов.

Компьютерная системная биология является быстро растущей междисциплинарной областью научных исследований, объединяющей биоинформатику, информатику, математическое моделирование, микробиологию, молекулярную биологию и генетику, биостатистику и другие области знаний. Для развития современной биоинформатики и компьютерной системной биологии характерна интеграция теоретических, экспериментальных и компьютерных подходов при проведении комплексных исследований.

В настоящем выпуске журнала, сформированном по материалам Международной конференции по биоинформатике регуляции и структуры геномов и системной биологии (BGRS/SB-2014) (<http://conf.nsc.ru/BGRSSB2014/>), представлены результаты исследований, проводимых в СО РАН по различным направлениям современной биоинформатики и компьютерной системной биологии, а также генетической и метаболической инженерии и биотехнологии, в том числе: биомедицинские

исследования с использованием полногеномного анализа; анализ взаимосвязей функциональных и геномных характеристик, аллелей генов с появлением заболеваний; компьютерный анализ и функциональная аннотация сайтов связывания транскрипционных факторов; исследование особенностей экспрессии генов, контролирующей тонус сосудов в почках крыс НИСАГ со стресс-зависимой артериальной гипертензией; анализ структурных и динамических особенностей мутантов белка SOD1, ассоциированных с боковым амиотрофическим склерозом; разработка алгоритма восстановления аминокислотной последовательности циклических пептидов из масс-спектров; применение методов компьютерного анализа графов для поиска структурно-функциональных закономерностей организации геномной сети циркадного ритма; исследование структуры и эволюции сетей научного соавторства; моделирование процессов морфогенеза растений; разработка Web-сервисов для оценки эффективности элонгации трансляции генов; комплексные экспериментально-биоинформационные исследования в области генетической и метаболической инженерии и биотехнологии, ориентированные на обработку технологии осахаривания биомассы мискантуса при помощи коммерческих ферментных препаратов; получение этанола из растительной биомассы, теоретические и практические аспекты проблемы биологического окисления углеводов микроорганизмами; изучение конформационных состояний ДНК в газовой фазе, позволяющее расширить знания о закономерностях компактизации ДНК в естественных и искусственных условиях.

Н.А. Колчанов

Приглашенные редакторы: **Н.Л. Подколотный, Ю.Л. Орлов**