



*Николай Александрович Колчанов
академик, директор ИЦиГ СО РАН*



*Николай Леонтьевич Подколотный
заведующий Центром коллективного пользования
«Биоинформатика»*

Развитие новых высокопроизводительных экспериментальных технологий в молекулярной биологии и генетике привело к (1) накоплению больших объемов молекулярно-биологических данных; (2) необходимости массового анализа этих данных методами биоинформатики и системной биологии; (3) интеграции гигантских объемов гетерогенных экспериментальных биологических данных (Big data) для получения комплексного представления о структурно-функциональных особенностях различных иерархических уровней организации биологических систем (молекулярно-генетический, клеточный, организменный, экосистемный); (4) широкому применению методов математического моделирования для изучения механизмов генетического контроля биологических систем и процессов; (5) необходимости высокопроизводительных (суперкомпьютерных) вычислений при решении перечисленных выше задач.

Настоящий выпуск журнала содержит статьи по ряду актуальных направлений биоинформатики и системной компьютерной биологии.

Раздел «Онтологии» представляет обзор биологических онтологий и их применение для решения задач биоинформатики и системной биологии; описаны задачи, при решении которых использование онтологий дает ощутимый эффект (семантическая интеграция и анализ гетерогенных экспериментальных данных, по-

строение математических моделей молекулярно-генетических систем и процессов, компьютерная интерпретация молекулярно-генетических знаний и др.).

В разделе «Геномика и анализ полиморфизмов» представлены статьи, в которых описаны: применение высокопроизводительных вычислений для выявления функциональных сигналов в регуляторных районах генов прокариот; результаты анализа влияния генетической изменчивости промоторов генов человека на связывание белка ТВР; закономерности распределения контекстной сложности геномных районов, содержащих однонуклеотидные полиморфизмы человека, а также роль однонуклеотидных полиморфизмов в генах при доместикации свиньи.

Раздел «Биоинформатика растений» включает статью по идентификации микросателлитных локусов по данным секвенирования ВАС-клонов и их картированию на геном мягкой пшеницы, что актуально для выявления полиморфных маркеров для участков хромосом, определяющих хозяйственно ценные признаки, а также обзор механизмов устойчивости растений к патогенам, связанных с особенностями строения их клеточной стенки.

Раздел «Компьютерное моделирование» содержит статьи по применению компьютерного моделирования в таких областях биоинформатики и системной биологии, как дизайн малых химических соединений – ингибиторов белков; моделирование биологически активных пептидов; решение обратных задач математической биологии в применении к биомедицине, а также компьютерное агентное моделирование популяций микробных сообществ.