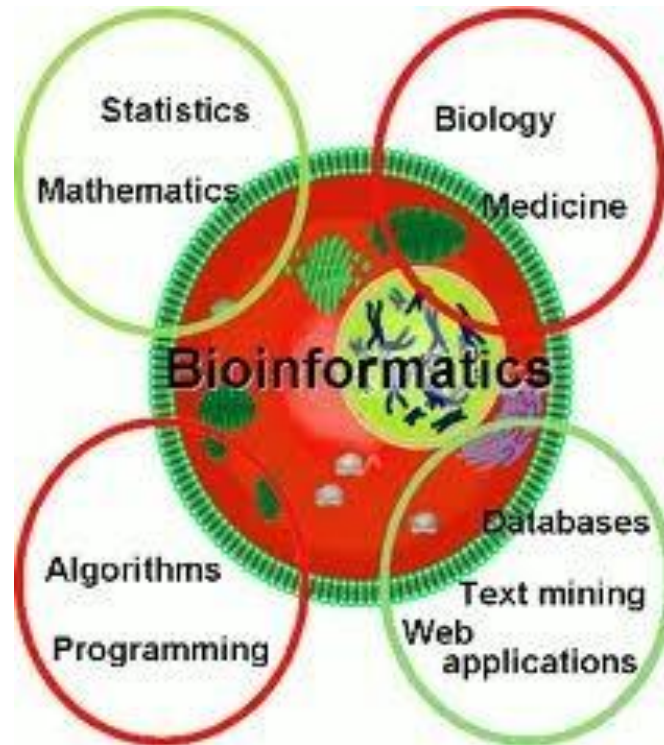


БИОИНФОРМАТИКА

НАУКА БУДУЩЕГО УЖЕ СЕЙЧАС

ЧТО ЖЕ ТАКОЕ БИОИНФОРМАТИКА?

Это наука о хранении, организации, анализе, интерпретации и использовании биологической информации.



Это совокупность методов и подходов, включающих в себя:

- 1. Математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике (геномная биоинформатика)**

Это совокупность методов и подходов, включающих в себя:

- 1. Математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике (геномная биоинформатика)**
- 2. Разработку алгоритмов и программ для предсказания пространственной структуры биополимеров (структурная биоинформатика)**

Это совокупность методов и подходов, включающих в себя:

- 1. Математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике (геномная биоинформатика)**
- 2. Разработку алгоритмов и программ для предсказания пространственной структуры биополимеров (структурная биоинформатика)**
- 3. Исследование стратегий, соответствующих вычислительных методологий, а также общее управление информационной сложности биологических систем**

ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ БИОИНФОРМАТИКИ

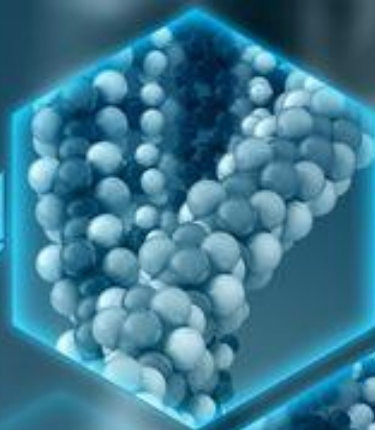
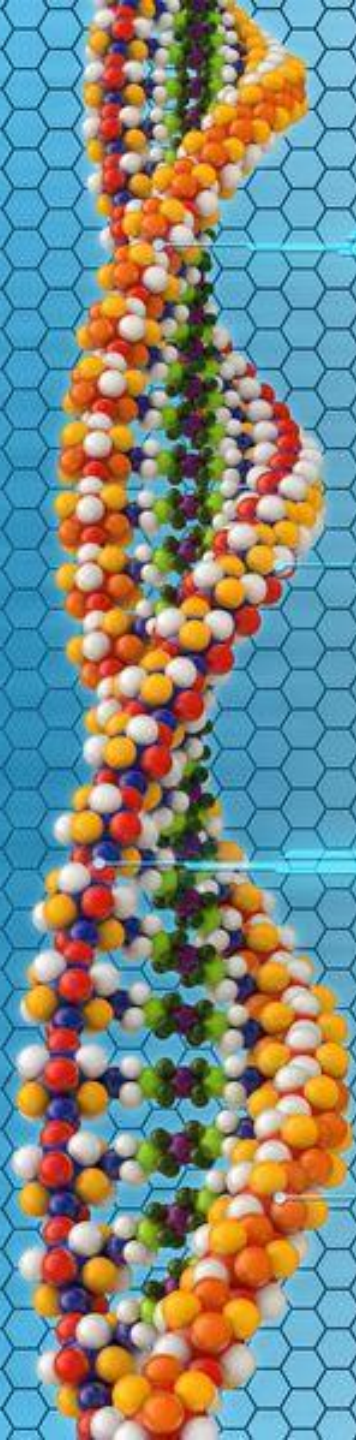
Целью биоинформатики является, как накопление биологических знаний в форме, обеспечивающей их наиболее эффективное использование, так и построение и анализ математических моделей биологических систем и их элементов.



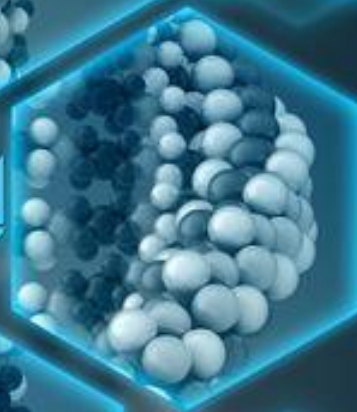
ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ БИОИНФОРМАТИКИ

Задачи

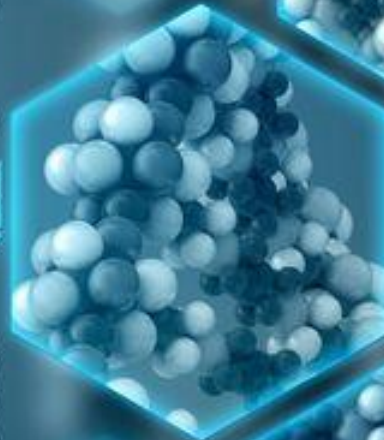
- Разработка алгоритмов для анализа биологических данных большого объема (поиск генов в геноме)
- Анализ и интерпретация различных типов биологических данных таких, как нуклеотидные и аминокислотные последователи, домены белков и т.п. (изучение структуры активного центра белка)
- Разработка программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным (создание банка данных аминокислотных последовательностей)



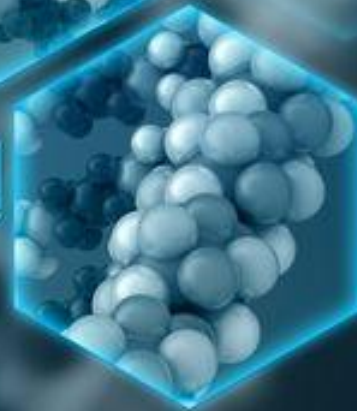
CTAAAGATGATCTTTAGTCCCGGTTTCGAA
TCTTTAGTCCCGGTTGATAACACCAACC
GTAATACCAACCGGGACTAAAGATCCCG
GGGACTAAAGTCCCACCCCTATATATATG



TTCAAAATTTCTTCAAAAAAGAGGGGAG
GTGATTACATACAAATCGGAGGTGCCTA
TTTGTCACTACATTTCACCTATGTTT
GTAAGTTGATGAGAGAGAAAATGTGTGT



TTTGCTAAACAAGGTTTTATAAAATAGTTG
AAATAATAGAAAACAACTAAAATGAAAT
TATTACTTAACAAATAGTTTTTAAGAATTAT
AATAAGATATCTTATAATTATTGTATGACT



ACGGTTTTTTTGACTCATGTAGATGGATC
AGAGTTTATTGACGGCGTGCACTATTTTT
TTTTATTGTTGTCCATGCAATAAGTGTA
TATTCATTCCACTTGTTTGAGTCGGGGT

ГЕНОМИКА. ПРОТЕОМИКА. МЕТАБОЛОМИКА

Успехи генетики, молекулярной биологии и биохимии привели к формированию трех новых фундаментальных дисциплин — геномики, протеомики и метаболомики, которые активно применяются в биоинформатике.



ГЕНОМИКА

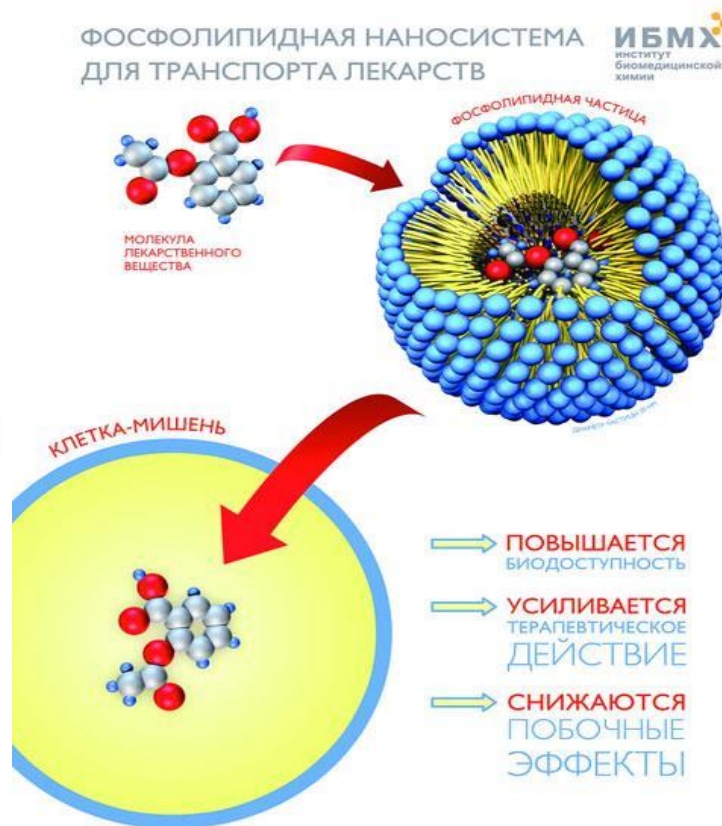
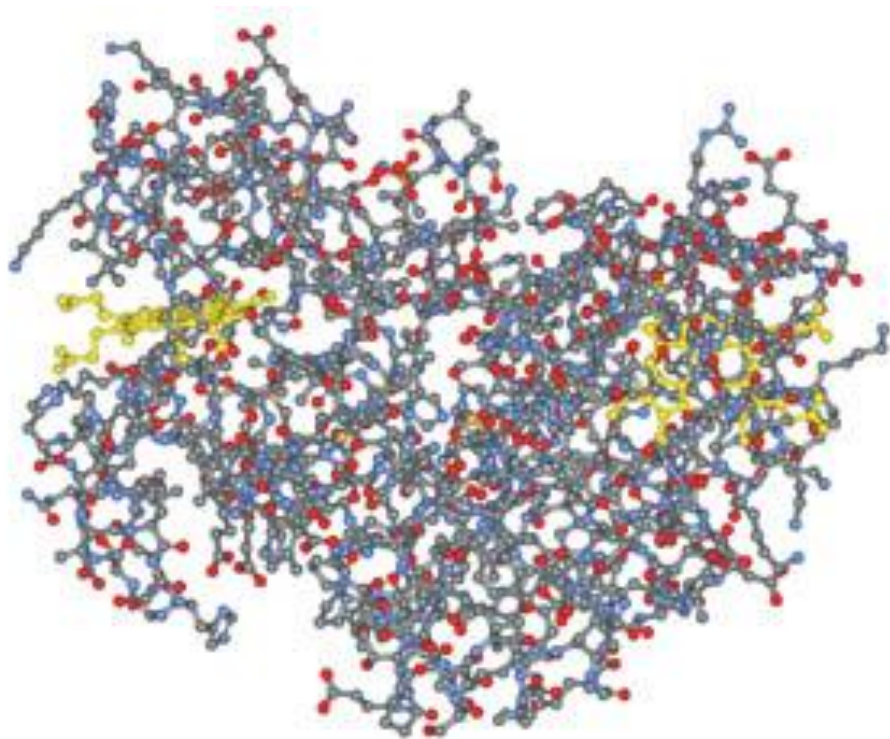
Геномика — раздел молекулярной генетики, посвящённый изучению генома и генов живых организмов.





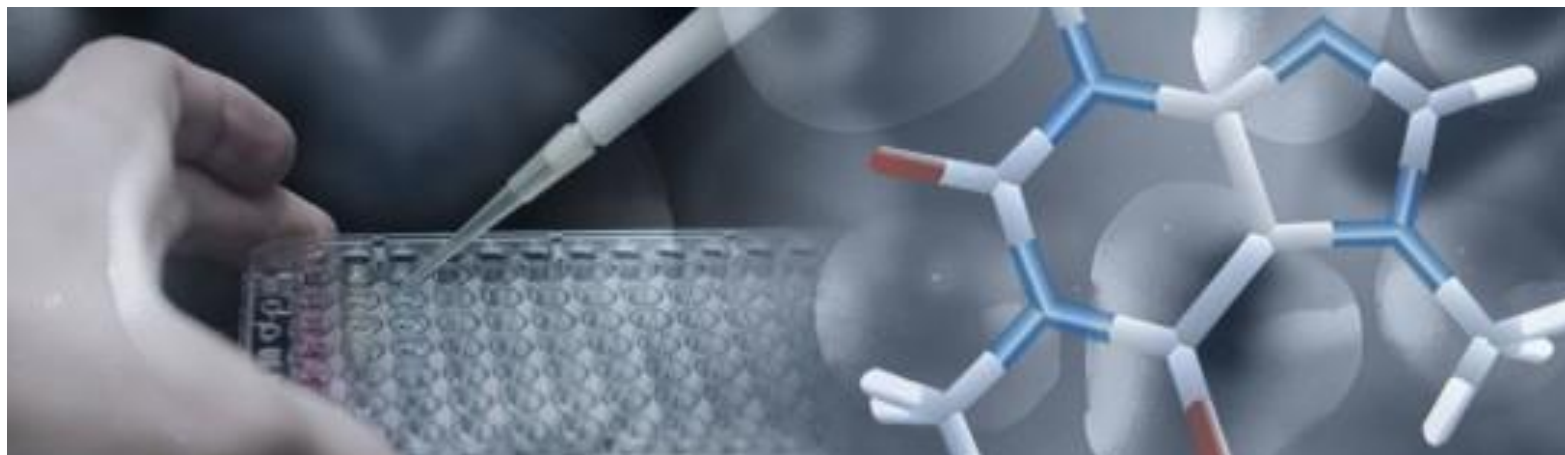
ПРОТЕОМИКА

Протеомика занимается инвентаризацией белков, т.е., реально работающих молекулярных машин в клетке.

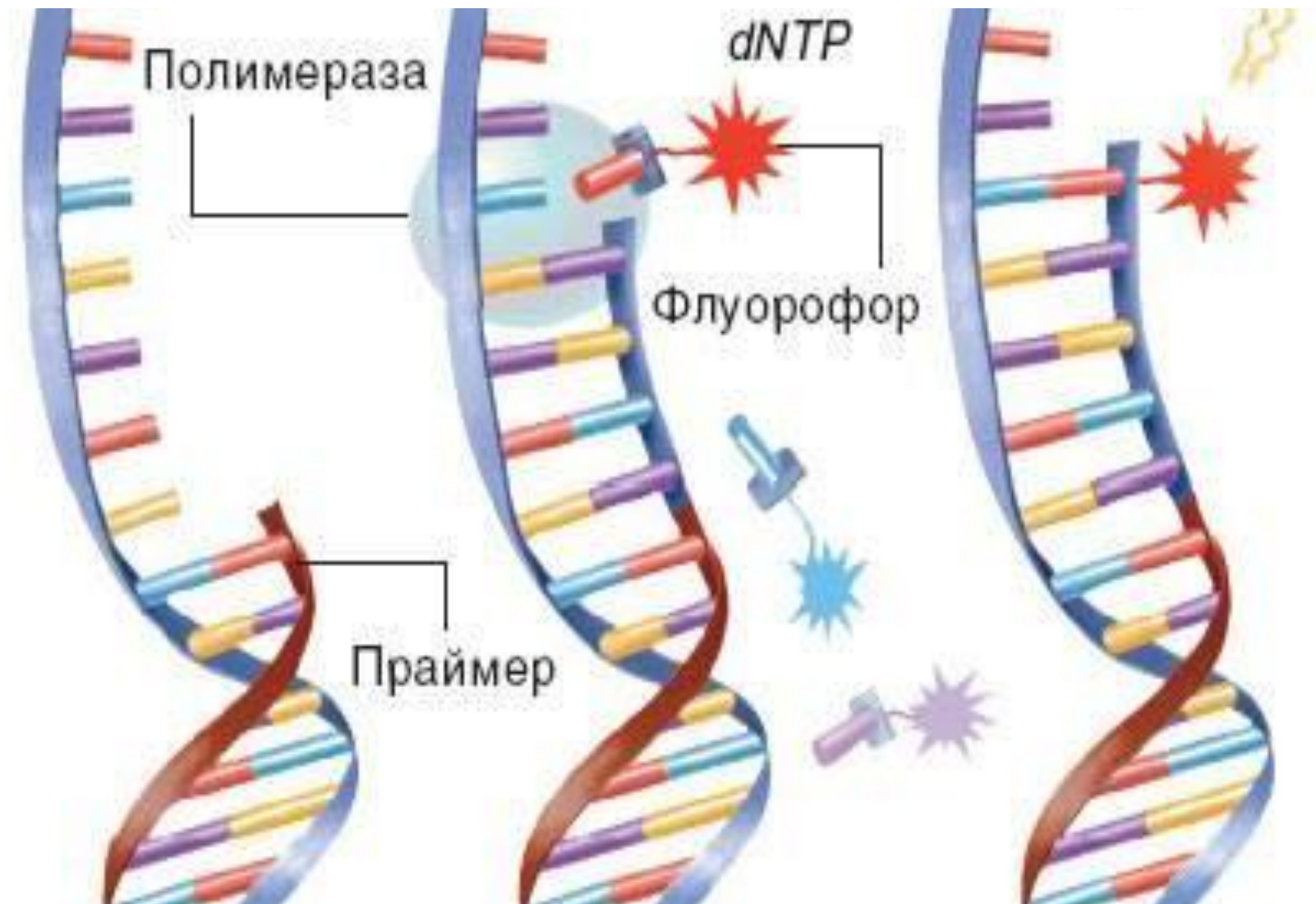


МЕТАБОЛОМИКА

Метаболомика - чрезвычайно важный предмет биоинформационных исследований. Он дает возможность понять, как происходит обмен веществ в клетке, изучить и смоделировать метаболизм, исследовать совместимость функционирования материальных элементов биологической системы, и, как следствие ускорить процесс создания лекарственных препаратов.



СЕКВЕНИРОВАНИЕ ДНК

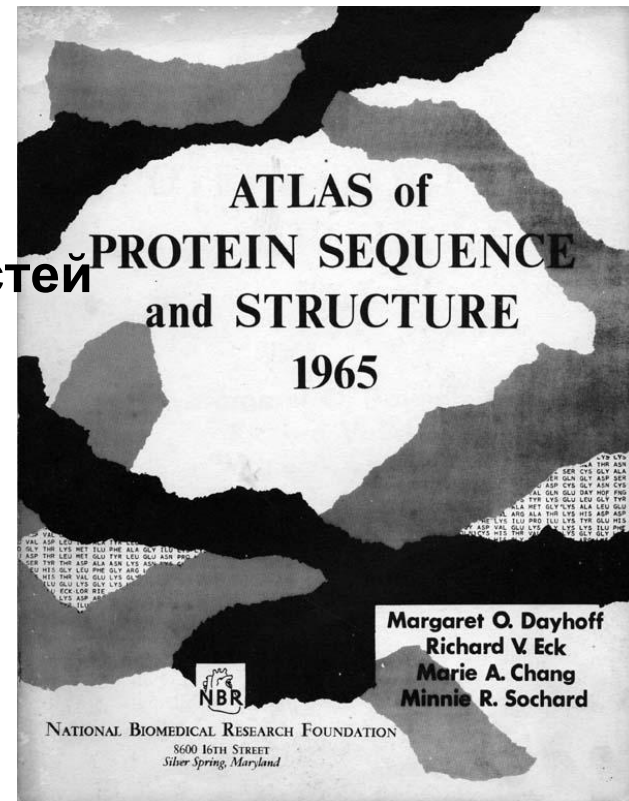


ТИПЫ БАЗ ДАННЫХ

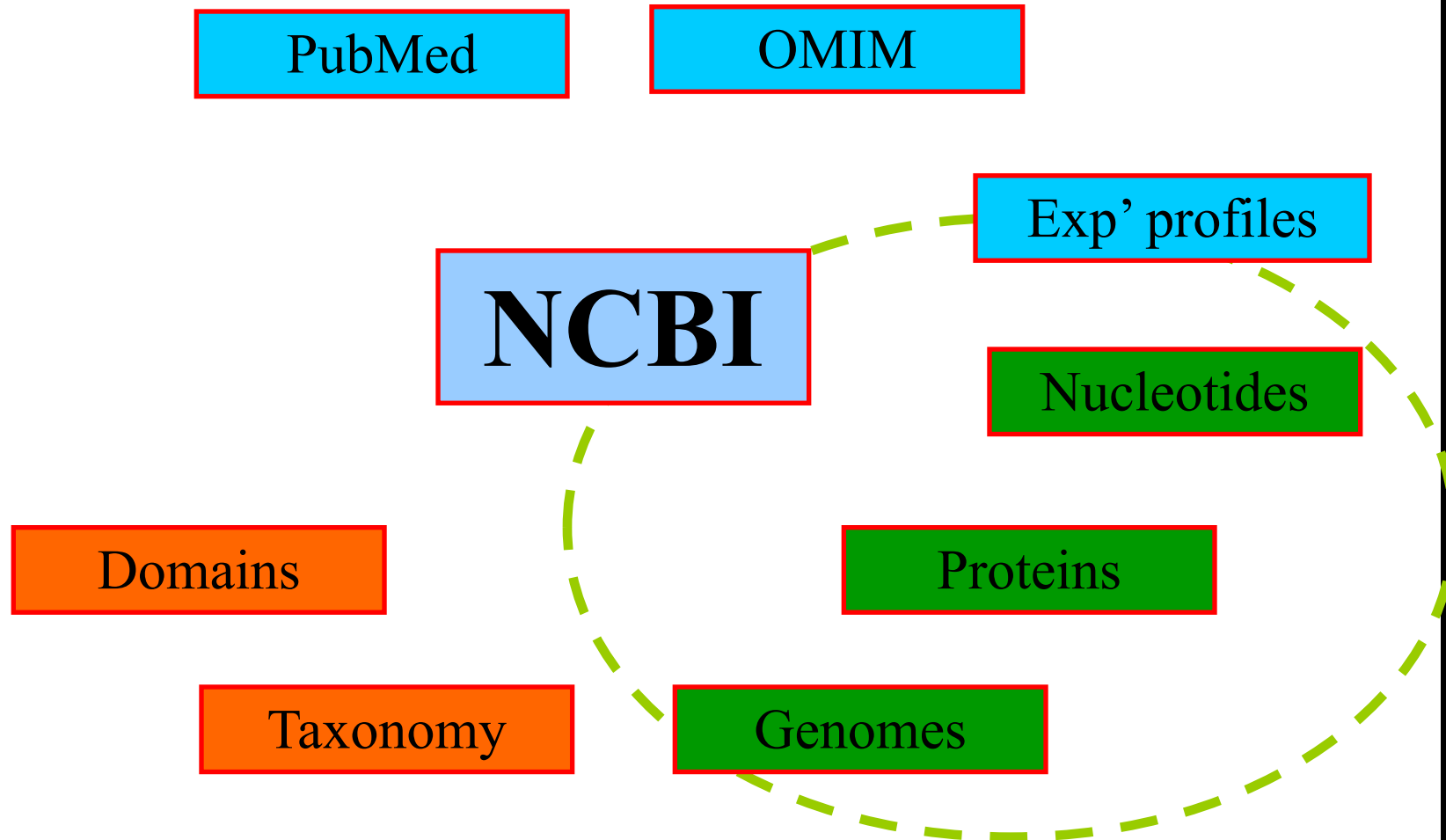
- Всеобъемлющие базы данных
Организмоспецифические
Молекулярноспецифические
Дополнительные базы данных

**Атлас белковых последовательностей
и их структур (1965-1978)**

**Она содержала описание 65
последовательностей белков**



NCBI (NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION)



NCBI-GENBANK

GenBank: открытая база данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей

Источники информации:

- 1. Прямая подача от исследователей.**
- 2. Литература.**
- 3. Центры исследований последовательностей (Sanger, Tigr)**
- 4. Обмен с другими базами (swiss-prot, PDB).**

SWISS PROT

База данных белков:

- 1.** Очень хорошо аннотированная.
- 2.** Отсутствует избыточность.
- 3.** Имеются перекрёстные ссылки.
- 4.** ID для нескольких связанных файлов белков



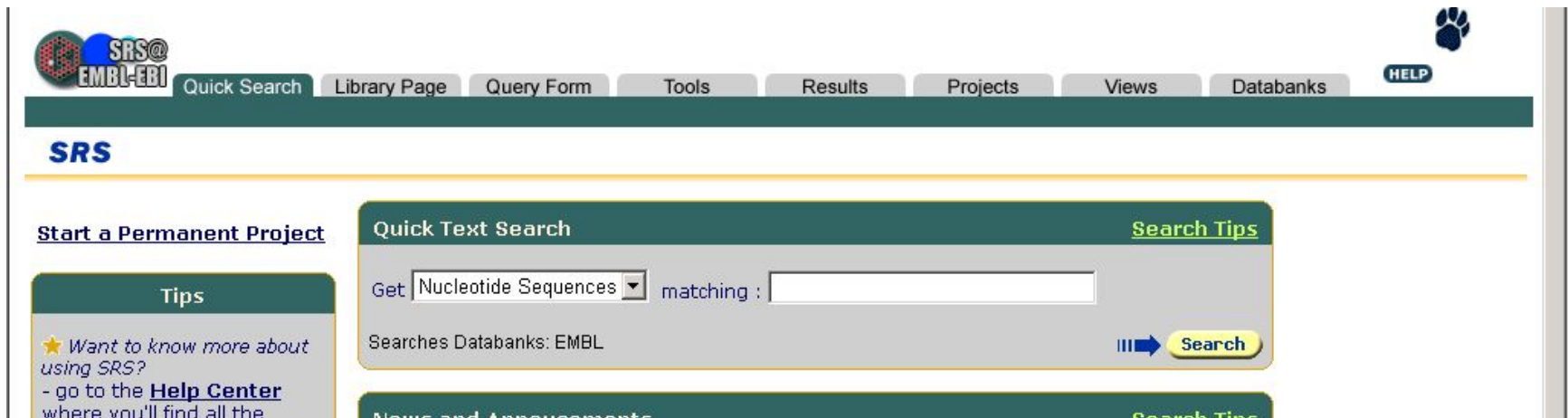
PDB – PROTEIN DATA BANK

- 1.** Главная база данных 3D структур белков
- 2.** Включает порядка 23,000 белковых структур.
- 3.** Белки организованы в группы, семейства и т.д.
- 4.** Имеет порядка 5600 точных структур.



SRS (SEQUENCE RETRIEVAL SYSTEM).

1. Исталлирована на множестве серверов.
2. Имеет связи со многими базами данных.
3. Предоставляет множество инструментов и служб для анализа.
4. Позволяет сохранить результаты работы и анализа и продолжить работу локально.



The screenshot displays the SRS (Sequence Retrieval System) web interface. At the top, there is a navigation bar with the SRS@EMBL-EBI logo on the left and a paw print icon with the word "HELP" on the right. The navigation bar includes several tabs: "Quick Search", "Library Page", "Query Form", "Tools", "Results", "Projects", "Views", and "Databanks". Below the navigation bar, the main content area is divided into several sections. On the left, there is a "Start a Permanent Project" link. Below this, a "Tips" box contains a star icon and text: "Want to know more about using SRS? - go to the [Help Center](#) where you'll find all the". In the center, there is a "Quick Text Search" section with a dropdown menu set to "Nucleotide Sequences", a text input field for "matching :", and a "Search" button. Below the search section, there is a "News and Announcements" section. On the right side of the main content area, there are links for "Search Tips" and "Search Tips" (repeated).

Перспективы дальнейшего развития биоинформатики весьма многообещающе. Развитие в этой области идет столь успешно, что высказываются шутливые опасения, что через несколько лет будет выяснено все, что только можно выяснить и делать уже будет нечего.

Можно ожидать, что в ближайшее время методы и результаты компьютерной биоинформатики найдут широчайшее применение для целей медицины, фармацевтики (drug design), биотехнологии сельского хозяйства и образования в целом. В передовых странах мира наблюдается тенденция к финансированию работ в этой области. Задача специалистов в области биоинформатики-достойно ответить на этот вызов времени!