БИОИНФОРМАТИКА: АНАЛИЗ БЕЛКОВ И ДНК

Трейерова А.С., Ускова Д.В.
Санкт-Петербургский государственный электротехнический университет «ЛЭТИ» им. В.И.Ульянова (Ленина)

Информационный процесс - это совокупность последовательных действий (операций), производимых над информацией (в виде данных, сведений, фактов, идей, гипотез, теорий и пр.), для получения какого-либо результата (достижения цели).

Информация подразумевает источника и потребителя. Всякое событие, всякое явление служит источником информации.

Биоинформатика - это совокупность методов и подходов, включающих в себя:

1. математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике;
2. разработку алгоритмов и программ для предсказания пространственной структуры биополимеров;
3. исследование стратегий, соответствующих вычислительных методологий.

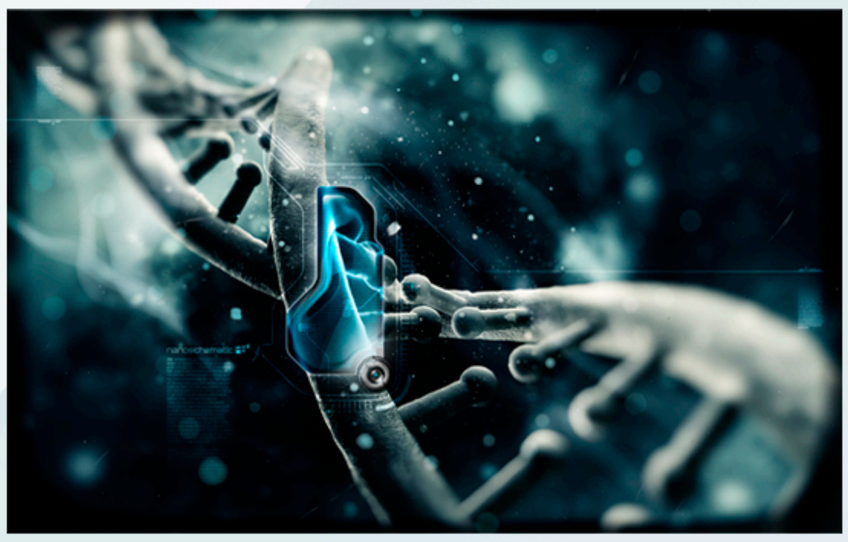
Основными разделами биоинформатики являются:

1. компьютерная геномика, решающая проблемы расшифровки генетических "текстов", хранящихся в последовательностях нуклеотидов ДНК (РНК);
2. метабономика, исследующая организацию метаболизма клетки и его управления со стороны генома.

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.

Геном и геномика

Геном – длинные цепочки, состоящие из четырех нуклеотидов, организованные в хромосомы, свёрнутые в ядре клетки. Длина генома может достигать миллиардов или даже десятков миллиардов символов.



Наша задача – восстановить исходный геном по этим кусочкам, или как чаще говорят – собрать.

Задача сборки генома в самом общем случае - это *задача о надстроке*, которая формулируется следующим образом: найти кратчайшую строку, такую, что каждая строка из заданного набора являлась бы её подстрокой.

Сегодня наиболее эффективный метод анализа белков – *сравнение* со структурами родственных (гомологичных) белков, которые уже *расшифрованы*. Наиболее близкая из известных последовательностей берется за "точку отсчета", и проводится ее уточнение.
Когда пространственная структура белка-мишени установлена, наступает следующий этап: поиск низкомолекулярного вещества, которое, соединившись с белком, будет оказывать нужное фармако гическое действие.

Гены в клетках организма могут взаимодействовать друг с другом посредством своих продуктов – белков. Благодаря подобному взаимодействию образуется генная сеть. Выяснение механизмов функционирования генных сетей представляет принципиально важную задачу, ведь именно они определяют внешние признаки организма и наследственные заболевания.

В XXI веке биология двинулась далеко: многие эксперименты теперь проводятся на компьютере, а материалом для изучения являются последовательности белков и ДНК, а также информация о строении биологических молекул.

Литература
1. Ivan Y. Torshin Bioinformatics in the Post-Genomic Era: The Role of Biophysics, Novapublishers, 2006, ISBN 1-60021-048-1, pp 130-145.
2. Биоинформатика: взгляд изнутри [Электронный ресурс]: блог компании СПБАУ / Хабрахабр – 1 мая 2012 в 18:32. – Режим до-ступа: http://habrahabr.ru/company/spbau/blog/143115/, свободный.
3. Биоинформатика: виртуальный эксперимент в шаге от реальности [Электронный ресурс]: интернет-портал журнала «Наука и жизнь» вып. №11, 2004. – Режим доступа: http://www.nkj.ru/archive/articles/310/, свободный.
4. Канапин, А. Биология и информатика: в ожидании третьего про-рыва? [Электронный ресурс]: Российский совет по международ-ным делам – 10 ноября 2014. Режим доступа: http://russiancouncil.ru/inner/?id_4=4741#top-content, свободный.
5. Суп из гвоздя. Ведущий эволюционист рассказал о Мультивселен-ной и антропном принципе [Электронный ресурс]: Lenta.ru – 1 де-кабря 2012 в 00.56. – Режим доступа: https://lenta.ru/articles/2012/11/30/koonin/, свободный.

Санкт-Петербург
2016