

## Цитологи и генетики обсуждают проблемы биоинформатики.

Июнь 25, 2008



**22 июня** в Доме ученых СО РАН начала работу международная конференция по биоинформатике, регуляции и структуре генома, которая продлится до **28 июня**. Конференцию вот уже 10 лет подряд организует Институт цитологии и генетики под председательством академика РАН, директора института **Николая Колчанова**.

Биоинформатика как научная дисциплина зародилась более 30 лет назад на стыке молекулярной и клеточной биологии, молекулярной генетики, биохимии, физиологии, теории эволюции, информационных технологий, математики, химии и физики.

Проходящая сегодня встреча ученых посвящена в основном сугубо научным вопросам, однако многие темы, которые планируется обсудить, имеют практическое применение. Так, например, практике будет посвящена работа секции по биоинформатике и новой фармакологии, также симпозиум "Генетические модели в постгеномной биологии", который состоится **26 июня**.

К числу центральных задач биоинформатики относятся: изучение закономерностей организации, функционирования и эволюции геномов; исследование механизмов хранения, передачи и реализации генетической информации на разных уровнях организации живого – геномном, клеточном, межклеточном, организменном, популяционном; реконструкция и моделирование сложных молекулярно-генетических систем и процессов, контролирующих жизненно-важные функции человека, животных, растений, микроорганизмов; компьютерный анализ и моделирование закономерностей организации и эволюции биологических макромолекул (ДНК, РНК и белков).

Успехи молекулярной и системной биологии связаны с полной расшифровкой геномов большого количества организмов из различных таксономических групп, экспериментальной характеристикой протеомов (совокупностей белков) – своеобразных "белковых портретов" живых организмов, применением технологии биочипов, позволяющей получать информацию об экспрессии огромного количества генов.

Новосибирские ученые обсуждают и вопросы изучения генных сетей – комплексов координированно работающих и взаимодействующих генов, определяющих формирование фенотипических признаков организмов; выявления и моделированием метаболических путей и регуляторных взаимодействий в клетках, тканях, органах и организмах.

Особенностью этих крупномасштабных исследований является то, что они дают колоссальные массивы данных, для хранения и обработки которых требуются высокие компьютерные технологии. Именно поэтому на конференции, на первый взгляд чисто "биологической", собралось немало ученых, чей профиль работы – информатика и математика.



Фотографии предоставлены ИЦиГ СО РАН

[Ерлан Байжанов](#),

Новости Академгородка Academ.info