



МИНИСТЕРСТВО ПРОСВЕЩЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ  
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«РОССИЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ПЕДАГОГИЧЕСКИЙ  
УНИВЕРСИТЕТ им. А. И. ГЕРЦЕНА»

**ИНСТИТУТ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ И  
ТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ОБРАЗОВАНИЯ**  
Кафедра информационных технологий и электронного обучения

## АНАЛИЗ РАЗЛИЧНЫХ ИСТОЧНИКОВ

ПО ТЕМЕ «БИОИНФОРМАТИКА»  
(научно-исследовательская работа)

по направлению “09.03.01 – Информатика и вычислительная техника”  
(профиль: “Технологии разработки программного обеспечения”)

Зав. кафедрой ИТиЭО д.п.н., проф.

---

(Власова Е.З.)

Руководитель: доцент кафедры ИТиЭО

---

(Власов Д. В)

Студент 4 курса

---

(Матвиив К.А.)

С развитием информационных технологий появилось множество удобств самого разного характера. Не обошли стороной эти удобства и научные исследования. Совершенно неудивительно, что и в биологии появился и нашёл применение целый огромный раздел науки — биоинформатика. Хотя следует отметить, что это и произошло совсем недавно. Так, датой начала использования биоинформатики в биологии можно назвать 1970 год. Тогда Полина Хогевег (нидерландский биолог) и Бен Хеспер ввели термин «биоинформатика», определив его как изучение информационных процессов в биотических системах.

Итак в районе 70-х годов прошлого века ЭВМ стали активно применяться в биологии: к этому времени возросла их память, увеличилась скорость операций, уменьшились размеры. И к тому же накопилось большое количество экспериментальных данных по биологии, требующих осмысления и обработки. Например, уже к 2003 г. объединенными усилиями ученых многих стран был в общих чертах прочитан геном человека. Таким образом, на стыке XX-го и XXI-го веков появилась бурно развивающаяся область биомедицинской науки биоинформатика, которой к настоящему времени насчитывается уже около 30 лет. Биоинформатика обязана своим появлением накоплению обширных экспериментальных данных. Особенно заметно это накопление стало проходить в 70-х гг. XX-го века. Информации, получаемой в биологических экспериментах, было значительно больше, чем возможности человека к запоминанию фактов и их анализу. Возникла необходимость хранения все быстрее увеличивающегося объема информации. Первые несколько сотен расшифрованных последовательностей белков были опубликованы в виде книги-атласа. Однако уже в начале 70-х г. число расшифрованных последовательностей возросло настолько, что из-за их объема оказались невозможными публикации в виде книг. Стало понятно, что нужны специальные программы для сравнения последовательностей, поскольку мозг человека не справляется с анализом такой информации. В 90-е годы происходит расцвет геномики. К настоящему времени расшифрованы полные геномные последовательности человека, мыши, цыпленка, лягушки, отдельных видов рыб, круглых червей, нескольких сотен вирусов и бактерий и т.д. Прочтение генома бактерии – это теперь задача, посильная для группы из 2–3 исследователей за время, меньшее, чем один год. Геном человека составляет около 3-х миллиардов букв, что эквивалентно 15000 книжных томов. А значение факта его «прочтения» для биологов сравнимо с открытием Д.И. Менделеевым периодического закона для химиков. Поэтому для обработки такой обширной биологической информации на помощь пришли компьютерные технологии. Первый алгоритм выравнивания генных последовательностей был предложен еще в 1970 г.

Источников по выбранной теме в интернете на данный момент представлено очень большое количество, так как тема сейчас как никогда актуальна. Проводится очень много исследований, пишется большое количество статей. Так же пользуется спросом и научно-популярный контент, касающийся этой темы. Актуальность биоинформатики заключается в том, что развитие этого метода с очень большой вероятностью приведет к серьезному прогрессу в решении множества прикладных биологических и медицинских проблем. Так же не стоит забывать и про шагающую по планете информатизацию всего и вся, так же упомянутую выше. Она конечно же не обошла и сферу биологических исследований, что повлияло на актуальность биоинформатики, по сути породив данный гигантский раздел науки при помощи синтеза биологии, статистики, математики, инженерии, computer science, химии и биохимии. Данный факт хорошо отражен в емкой статье «Биоинформатика – это наука, или всё же метод?», расположенной в интернет-источнике «Хабр».

Рассмотреть область работы ученых, продвигающихся в этой сфере на более конкретном примере можно проанализировав проекты научно-исследовательской группы Санкт-Петербургского института биоинформатики.

Выделяются три основных направления исследований:

- Изучение генетической архитектуры сложных признаков человека и интеграция данных полногеномных исследований на уровне совокупности признаков (фенома)

Применяются различные статистические и сетевые методы к публичным наборам данных, такими как UK Biobank, для поиска ключевых генов и молекулярных процессов, лежащих в основе проявления множества сложных признаков. Исследования по этой теме поддержаны стипендиальной программой Systems Biology Fellowship.

- Исследования эволюционных аспектов вариативности генома человека.

Используются публичные массивы геномных и экзомных данных для оценки консервативности различных регионов генома и распределения вариаций внутри них.

- Применение методов биоинформатического анализа данных для решения задач медицинской генетики и клинической медицины в России.

Разрабатываются методы анализа данных NGS в медицинской генетике, а также исследуем генетическую структуру российской популяции и представленность патогенных изменений в геномах россиян.

К сожалению, несмотря на большое разнообразие информации по теме пока что данная отрасль не так хорошо освоена русской научной общественностью. Конечно перспективы развития области в России не плохие, ведь уже сейчас повсеместно проводятся различные конференции, к примеру конференция 2016 года в Томске.

Несговорова Галина Петровна в своей статье – «Биоинформатика: Пути развития и перспективы» хорошо раскрывает проблему того, что в России под биоинформатикой понимают достаточно узкую область, связанную в первую очередь с обработкой геномных данных, и изучение структур биологических молекул.

В мире к ней относят и огромное количество других областей, связанных с обработкой любых биологических данных с использованием информационных технологий. Потому в биоинформатику сегодня приходят физики, математики, химики, люди из смежных областей биологии, программисты в широком смысле слова. При этом профессиональные знания именно в области биологии для биоинформатики очень важны.

На основании всего вышесказанного можно сделать вывод, о том, что источники есть, ведутся различные дискуссии, исполняются проекты, но, к сожалению, данная область пока не так развита в нашей стране, она довольно новаторская и многообещающая, что в очередной раз подчеркивает ее актуальность и необходимость большего углубления в исследования.

## Литература

1. Биотехнология, биоинформатика и геномика растений и микроорганизмов : материалы конференции. — Томск : ТГУ, 2016. — 140 с. — ISBN 978-5-94621-539-8. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/92007> (дата обращения: 23.12.2022).
2. Афонников Дмитрий Аркадьевич, Иванисенко Владимир Александрович Биоинформатика: метод во главе угла // Наука из первых рук. 2013. №1 (49). URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/bioinformatika-metod-vo-glave-ugla> (дата обращения: 23.12.2022).
3. Несговорова Галина Петровна Биоинформатика: Пути развития и перспективы // Сер. "Конструирование и оптимизация программ" Новосибирск, 2012. URL: [https://www.iis.nsk.su/files/articles/sbor\\_kas\\_21\\_nesgovorova\\_bio.pdf](https://www.iis.nsk.su/files/articles/sbor_kas_21_nesgovorova_bio.pdf) (дата обращения: 23.12.2022).
4. Биоинформатика – это наука, или всё же метод? [Электронный ресурс] // Хабр . URL: <https://habr.com/ru/company/ruvds/blog/650449/> (дата обращения: 23.12.2022).
5. Большие данные в биоинформатике. [Электронный ресурс] // Публикации ВШЭ. URL: <https://publications.hse.ru/articles/203153578> (дата обращения: 23.12.2022).
6. Онлайн-лекторий и гостевые лекции. [Электронный ресурс] // Сайт института биоинформатики. URL: <https://bioinf.me/guests> (дата обращения: 23.12.2022).
7. Gary Van Domselaar Peptide Mass Fingerprinting and MS/MS Fragment Ion analysis with MASCOT // University of Alberta Edmtonton, AB URL: <https://mipt.ru/dbmp/upload/44a/Domselaar-arphlf450iz.pdf> (дата обращения: 23.12.2022).