

KRZYSZTOF PAWŁOWSKI<sup>1</sup> I MARCIN GRYNBERG<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN  
Pasteura 3, 02-093 Warszawa*

<sup>2</sup>*Instytut Biochemii i Biofizyki PAN  
Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa*

## BIOINFORMATYKA – WPROWADZENIE

Bioinformatyka jest stosunkowo nową dziedziną z pogranicza biologii, informatyki, medycyny, chemii i fizyki. Termin ten pierwszy raz pojawił się w literaturze naukowej w 1993 r., a np. w 2008 r. już ponad 1200 publikacji z nauk biomedycznych (wg bazy Medline, [www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)) powoływało się na zastosowania bioinformatyki.

Bioinformatykę, przez niektórych utożsamianą z biologią obliczeniową (ang. computational biology), można określić jako naukę zajmującą się rozwiązywaniem problemów biologicznych metodami obliczeniowymi. W bieżącym numerze KOSMOSU zebrano prace przeglądowe z różnych dziedzin bioinformatyki i jej pogranicza; krótkie ich omówienie zastąpi nam próby szczegółowego definiowania tej nowej dyscypliny wiedzy.

Tradycyjnym, jednym z najstarszych obszarów zainteresowania biologii obliczeniowej, sięgającym lat 70. XX wieku, jest analiza sekwencji białkowych i nukleotydowych. W pracy „Ewolucja struktury genów“ I. MAKAŁOWSKA i współaut. zajmują się nową wiedzą na temat struktury i historii genów, dzięki badaniom bioinformatycznym całych genomów. M. KASPRZAK i A. ŚWIERCZ przedstawiają w pracy „Sekwencjonowanie i asembalacja DNA – podejścia, modele grafowe, algorytmy” metody obliczeniowe, stosowane w przetwarzaniu danych doświadczalnych w pełne sekwencje genomiczne. Z kolei, w pracy „Komputerowe modelowanie ewolucji genomów” S. CEBRATA i współaut. omówiono ciekawe wnioski na temat ewolucji populacji uzyskane metodą stosunkowo prostego modelowania.

Drugim, historycznym obszarem biologii obliczeniowej jest bioinformatyka strukturalna, czyli analiza teoretyczna i przewidywanie struktur trójwymiarowych makrocząsteczek biologicznych. W pracy „Symulacje dynamiki molekularnej biomolekuł na progu XXI wieku” W. NOWAK omawia najnowsze trendy i osiągnięcia metod teoretycznego modelowania ruchów białek i innych cząsteczek biologicznych. Kolejne dwie prace, „Badania układów błonowych metodami modelowania molekularnego” M. PASENKIEWICZ-GIERULI oraz „Bioinformatyka strukturalna białek transbłonowych” S. FILIPKA, dotyczą zastosowań metod analizy struktur molekularnych dla przypadków niezwykle trudnych, a ważnych dla biologii i medycyny, czyli do analizy struktur funkcjonujących w błonach komórkowych.

Metody obliczeniowe stosowane są od ponad dekady do większych układów biologicznych – ścieżek metabolicznych, sieci powiązanych genów, całych komórek i innych. Tych zastosowań dotyczą prace z pogranicza bioinformatyki i biologii systemowej: „Od wzorów ekspresji genów i motywów regulatorowych do predykcji i modelowania ekspresji genów – wyzwania i nadzieje” M. DĄBROWSKIEGO i B. KAMIŃSKIEJ, „Zastosowania sieci Petriego do modelowania procesów biologicznych” J. BŁAŻEWICZA i współaut. oraz „Czy jesteśmy scale-free?” P. PAWŁOWSKIEGO. Pracą z pogranicza metod obliczeniowych i ekologii jest „Prawdziwa różnorodność, czyli najnowsze postępy w badaniu różnorodności i jej partycjonowania” Ł. GŁOWACKIEGO.

Praktycznych zastosowań bioinformatyki w badaniach medycznych dotyczą ostatnie

dwie prace, „System wspomaganie wytwarzania i analiz szczepionek genetycznych“ J. BŁAŻEWICZA i P. ŁUKASIAKA“ oraz „Bioinformatyka w poszukiwaniu nowych leków“ K. PAWŁOWSKIEGO.

Bioinformatyczna część niniejszego zeszytu KOSMOSU, powstała z inicjatywy członków niedawno powstałego Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego ([www.ptbi.org.pl](http://www.ptbi.org.pl)), daje Państwu szeroki, choć z koniecznoś-

ci niepełny, przegląd dziedzin współczesnej bioinformatyki, z naciskiem na te reprezentowane w Polsce. Mamy nadzieję, że pozostałe dziedziny bioinformatyki, których reprezentanci pracują w Polsce, również wkrótce zawitają na łamach KOSMOSU. Jest to jednocześnie okazja do przedstawienia społeczności naukowej propozycji polskiej terminologii dla dziedzin, o których rzadko po polsku się pisze.

