



ВАЖНАЯ БИОЛОГИЯ в ИКТ

Выполнила: студентка 2 курса
Синельникова Анастасия

Применение нашего компьютера:


- моделирование биологических систем
- организация и хранение информации
- документооборот
- обучение
- экологические ГИС
- интернет-технологии



ВОЗНИКНОВЕНИЕ совершенно НОВЫХ наук о жизни XXI столетия:

- геномика исследует информационный материал клетки (начало получению трансгенных растений и животных);
- протеомика изучает структуру и функции белков;
- биоинформатики — дисциплин, которые революционизируют наши представления о живых организмах.





Считаю, что основными задачами «компьютерной биологии» являются:

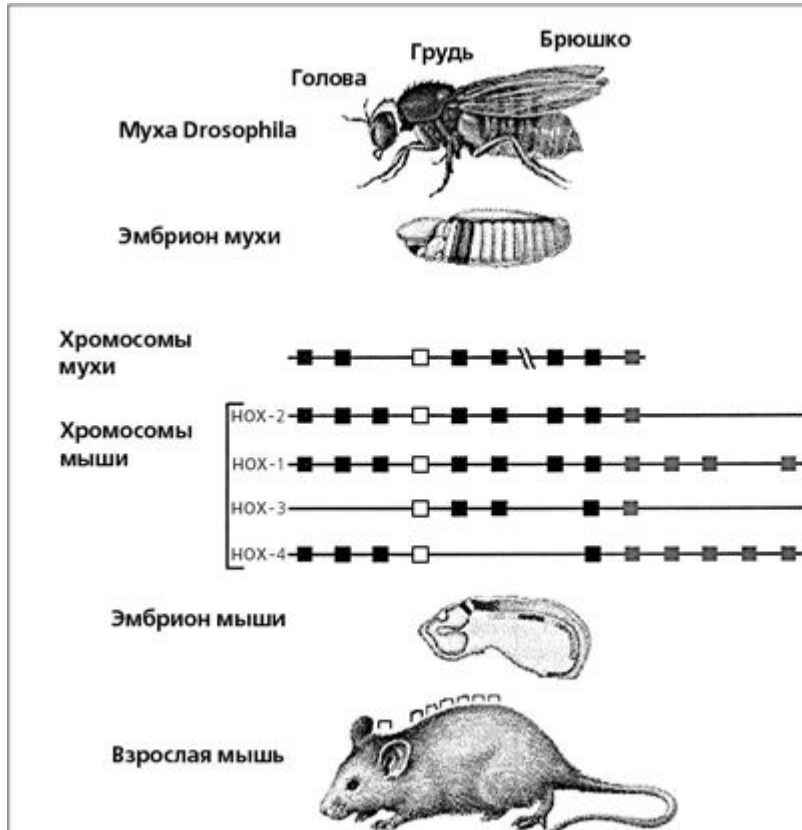
- расшифровка генома
- определение пространственной структуры белка
- моделирование функционирования биомакромолекул

Геномика

С конца 1980-х гг. началось создание баз данных, в которых хранится информация о миллионах последовательностей нуклеотидов в ДНК и РНК или аминокислот в белках.

Статистическими методами анализа нуклеотидных последовательностей, позволяющих распознать участки генома с определенными свойствами.

Сравнительная геномика позволяет предсказывать функции генов человека по известным функциям генов других организмов



Сходство генов, управляющих формированием оси тела, у мухи и мыши



Протеомика

Получены результаты по структурно-функциональной организации белков, имеющие высокое медико-биологическое значение.

Созданы уникальная база данных пространственных структур белков PDBSite
(<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/pdbsite/>),

программа распознавания функциональных сайтов белков и реконструкции молекулярных комплексов PDBSiteScan
(<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/systems/fastprot/pdbsitescan.html>),

программа анализа взаимосвязи структура–активность в семействах белков WebProAnalyst
(<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/programs/panalyst/>),

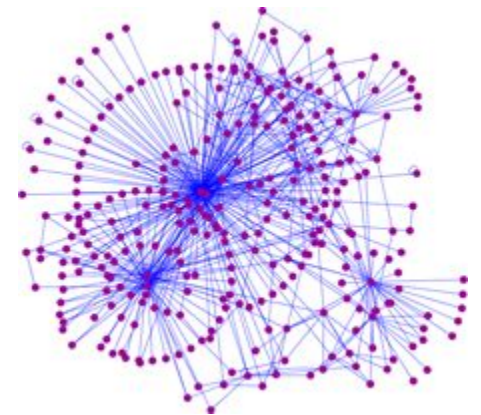
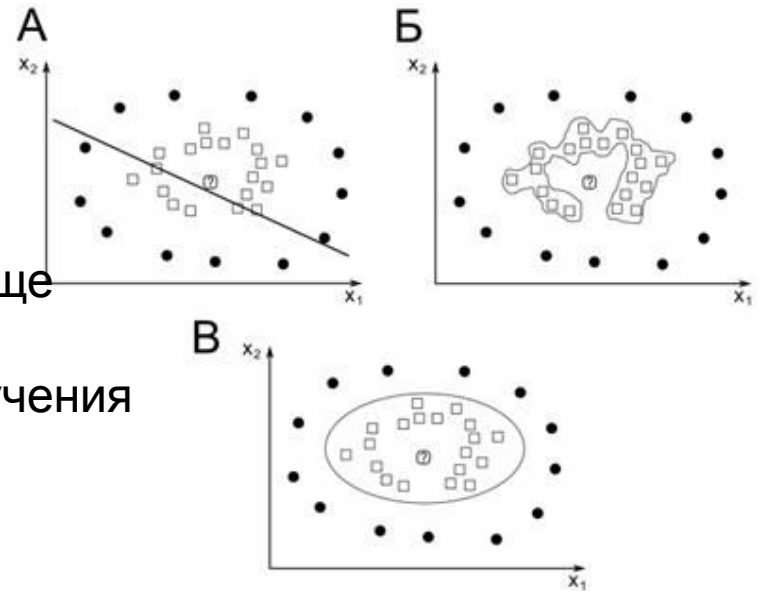
программа анализа координированных замен аминокислот в семействах гомологичных белков CRASP
(<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/programs/crasp/>).

Биоинформатика

Любое использование компьютеров для обработки биологической информации (чаще экспериментальных данных по структуре биологических макромолекул с целью получения биологически значимой информации)

Например, такие программы как

- Arlequin — анализ популяционно-генетических данных,
- Mesquite — программа для сравнительной биологии на языке Java,
- Populations — популяционно-генетический анализ,
- PHYLIP — пакет филогенетических программ и много других



Заключение

Компьютерная биология (геномика, протеомика, биоинформатика) – новая эра, потому что современная биология изучает уже не общие формы и функции организма, а части- гены и молекулы, пытаюсь воссоздать картину их функционирования в целом организме. Численность частей большая, а компьютер и интернет-технологии способствуют переработке и обмену информацией между исследователями, созданию общего представления данной темы, а в последующем лечению болезней и селекции новых видов.

СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ

