

УДК 004

РОЛЬ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В РАЗВИТИИ СОВРЕМЕННОЙ БИОИНФОРМАТИКИ

Эмилия Николаева Аникьева

старший преподаватель

korol_0909@mail.ru

Анастасия Сергеевна Спицына

студент

anastasiaspicyna31@gmail.com

Мичуринский государственный аграрный университет

г. Мичуринск, Россия

Аннотация. В статье рассматривается роль информационных технологий в развитии современной биоинформатики. Рассматриваются основные направления и методы, применяемые в обработке, анализе и хранении биологической информации. Особое внимание уделено прогрессу в вычислительной технике и компьютерному моделированию, которые способствуют решению комплексных задач науки и практики.

Ключевые слова: биоинформатика, информационные технологии, искусственный интеллект, геномика, машинное обучение, генетический анализ, молекулярное моделирование.

Для таких понятий как биоинформатика в настоящее время нет четко установленных определений. Один из возможных вариантов определения это научная дисциплина, привлекающая методы различных областей науки, таких как биология, молекулярная биология, генетика, химия, информатика и математическая статистика для анализа, обработки и визуализации информации с целью поиска и сравнения последовательностей в больших объемах данных [1, 2]. Такие последовательности могут наблюдаться в гомологических цепочках, геномах, при поиске генов, в процессах преобразования наследственной информации от генов к продуктам выполняющим разнообразные функции, такие как РНК и белок (экспрессия генов). Можно, конечно, провести некоторую параллель между задачами биоинформатики и вычислительной биологии, однако, если биоинформатика имеет дело с компьютерными алгоритмами и методами математической статистики в обработке больших биологических (и медицинских) данных и поиске в них последовательностей и корреляций, то вычислительная биология кроме задач биоинформатики занимается построением математических моделей биологических систем, геномным секвенированием и последующей геномной сборкой, моделированием поведения молекул и больших цепей молекул, моделированием биологических сетей взаимодействия, структурным моделированием белков и тому подобное.

Какие же функции выполняет биоинформатика в современной биологии. Она играет первостепенную роль в понимании генетической информации и ее связи с фенотипами организмов. Биоинформатика позволяет проводить исследования геномных данных, анализировать эти данные и извлекать новые знания о живых системах. Эта наука позволяет разрабатывать модели геномных взаимодействий; идентифицировать новые гены и определять их функции; анализировать мутации, связанные с болезнями и прогнозировать их последствия; создавать и улучшать жизненно важные лекарственные препараты; классифицировать организмы и решать проблемы в области сельского хозяйства и экологии.

Задачи биоинформатики в генетике

Сегодняшняя революция в генетическом исследовании связана с развитием высокоскоростных технологий секвенирования ДНК и РНК. Эти методики генерируют большие базы данных, сейчас это называют Big Data (большими данными), обработка которых невозможна без специализированных инструментов и программного обеспечения. Современные программы [3] позволяют автоматизировать процесс идентификации мутаций, полиморфизмов и структурных особенностей генома, помогая решать проблемы диагностики заболеваний, разработки персонализированных лекарственных препаратов и селекции сельскохозяйственных культур.

Молекулярное моделирование. Применение суперкомпьютеров и графических ускорителей позволяет создавать точные модели трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот. Это имеет решающее значение [4] для понимания механизмов функционирования клеток и тканей, проектирования новых терапевтических агентов и диагностики болезней. Методы машинного обучения также находят применение в предсказании взаимодействий молекул и оптимизации лекарственного дизайна.

Большие данные и облачные технологии. Развитие глобальных сетей и облачных сервисов дало возможность хранить и обмениваться огромными объемами биологических данных. Платформы вроде Google Cloud Platform и Amazon Web Services предлагают услуги, позволяющие масштабировать процессы анализа данных, оптимизировать затраты ресурсов и обеспечивать совместную работу исследователей из разных регионов мира.

Высокопроизводительные вычисления. Параллельное выполнение расчетов стало возможным благодаря появлению кластерных компьютеров и распределенных систем. Современные архитектуры HPC (High Performance Computing) обеспечивают быстрое решение задач, требующих значительных вычислительных мощностей, таких как сравнительный анализ геномов, выявление сигнальных путей и моделирование биохимических реакций.

Использование информационных технологий позволяет эффективно обрабатывать и анализировать огромные объемы биологических данных, автоматизировать процессы и получить новые биологические открытия. Все это сделало биоинформатику важным инструментом для современной биологии и помогает продвигать науку и медицину в решении насущных задач продления жизни человека. Важность этих технологий проявляется в нескольких аспектах:

1. Обработка и хранение данных. Биоинформатика требует обработки и анализа огромных объемов биологических данных, таких как геномные последовательности, протеомы, экспрессионные профили и подобные им. Информационные технологии позволяют эффективно обрабатывать, сжимать и хранить эти данные, обеспечивая быстрый доступ к информации и защищая ее от потери или повреждения.

2. Базы данных и инструменты анализа. Существует множество баз данных и программных инструментов, разработанных с использованием информационных технологий, которые помогают специалистам в области биоинформатики проводить анализ генетической информации. Базы данных содержат информацию о геномах, белках, метаболических путях и других биологических ресурсах. Инструменты для анализа позволяют проводить выравнивание последовательностей, предсказывать структуру белков, искать генетические варианты и т.д.

3. Моделирование и предсказание. Использование информационных технологий позволяет создавать комплексные математические и компьютерные модели для изучения и предсказания биологических процессов [7]. Благодаря этому ученые в области биоинформатики могут лучше понять сложные системы, такие как: связи между генами, белками и фенотипами, и использовать эту информацию для прогнозирования результатов экспериментов или лекарственных воздействий.

4. Высокопроизводительные вычисления. Биоинформатика требует обработки больших данных и проведения вычислительных анализов, таких как поиск в базах данных, сравнение последовательностей, моделирование и

статистический анализ. Информационные технологии позволяют проводить высокопроизводительные вычисления, используя параллельные и распределенные вычислительные системы, ускоряя процесс анализа и сокращая время получения результатов [8].

Информационные технологии играют первостепенную роль в биоинформатике и оказывают значительное влияние на решение задач в этой области. Значимость и перспективность информационных технологий в биоинформатике может быть понята из её влияния на такие области, как

1. Ускорение и автоматизация анализа данных. За счет использования информационных технологий, можно обрабатывать огромные объемы данных, сокращая время, требуемое для их анализа. Автоматизация процессов позволяет быстрее получать результаты и делать выводы на основе этих данных.

2. Разработка новых методов и алгоритмов. Информационные технологии позволяют разрабатывать и применять новые методы и алгоритмы для анализа геномных, протеомных и других биологических данных. Это помогает лучше понимать биологические процессы, идентифицировать генетические маркеры и разрабатывать новые лекарственные препараты.

3. Исследование метагеномики. Использование информационных технологий позволяет анализировать метагеномные данные, которые представляют собой смесь геномов различных организмов. Изучение метагеномных данных помогает понять взаимодействие организмов в экосистемах и исследовать биологическую разнообразность [9].

4. Эволюция и филогенетика. С помощью информационных технологий становится возможным анализ генетического материала различных видов и построение эволюционных деревьев. Это позволяет изучать эволюционные истории и отношения между различными видами, а также предсказывать будущие эволюционные изменения [10].

5. Интеграция данных. Информационные технологии позволяют интегрировать различные источники данных, такие как геномные, протеомные,

экспериментальные и клинические данные, что способствует более глубокому пониманию биологических механизмов и помогает сделать более точные прогнозы и рекомендации.

Список литературы:

1. Биоинформатика // РУВИКИ – URL: <https://ru.ruwiki.ru/wiki/Биоинформатика>
2. Гочияева Т.У., Койчуева А.С. приобщение к семейным ценностям народов Карачаево-Черкесии как основа формирования потребности молодёжи в семейной жизни // Современные проблемы науки и образования. 2014. № 2.
3. Никонорова М.Л. Методы машинного обучения в биоинформатике // Региональная информатика и информационная безопасность. 2022. С. 411–414.
4. Zhang, Y., & Wang, L Deep learning for genomic sequence analysis: A survey. *Bioinformatics*, 2020. 36(3), pp 846-857.
5. Фролов В.В. Практические аспекты использования параллельных вычислений в генетическом алгоритме // Доклады БГУИР. 2018. № 5. С. 24-30.
6. Шестаков И.П., Иванов Ю.С. Компьютерное моделирование в изучении молекулярных структур // Проблемы современной химии и химической технологии. 2024. № 2. С. 45-56.
7. Погребняк А.В. Молекулярное моделирование и дизайн биологически активных веществ. Ростов-на-Дону: Издательство СКНЦ ВШ. 2003.
8. Мельников Н.К., Сергеева К.Ю. Использование облачных технологий в биоинформатике // Вопросы современной науки и образования. 2025. № 1. С. 111-122.
9. Оплачко Е.С., Устинин Д.М., Устинин М.Н. Облачные технологии и их применение в задачах вычислительной биологии // Математическая биология и биоинформатика. 2013. т. 8, вып. 2, с. 449-466.

10. Аксенова А.Ю., Жук А.С., Степченкова Е.И., Семенихин В.А., Ланговой М.А. Новая эра биоинформатики // Проблемы генетического образования. 2025. т. 23. № 2. с. 211-219.

UDC 004

THE ROLE OF INFORMATION TECHNOLOGIES IN THE DEVELOPMENT OF MODERN BIOINFORMATICS

Emilia N. Anikieva

senior teacher

korol_0909@mail.ru

Anastasia S. Spitsyna

student

anastasiaspicyna31@gmail.com

Michurinsk State Agrarian University

Michurinsk, Russia

Abstract. The article examines the role of information technology in the development of modern bioinformatics. The main directions and methods used in the processing, analysis and storage of biological information are considered. Special attention is paid to the progress in computing and computer modeling, which contribute to solving complex problems of science and practice.

Keywords: bioinformatics, information technology, artificial intelligence, genomics, machine learning, genetic analysis, molecular modeling.

Статья поступила в редакцию 10.09.2025; одобрена после рецензирования 20.10.2025; принята к публикации 31.10.2025.

The article was submitted 10.09.2025; approved after reviewing 20.10.2025; accepted for publication 31.10.2025.