

УДК 004.043: 577.2

## **БАЗЫ ДАННЫХ В БИОЛОГИИ**

*Салахова Л.И., Родионова А.В., студентки 1 курса факультета ветеринарной  
медицины  
Научный руководитель – Видеркер М.А., кандидат биологических наук, доцент  
ФГБОУ ВПО «Ульяновская ГСХА им. П.А. Столыпина»*

**Ключевые слова:** биоинформатика, биология, базы данных геномика, протеомик

*Работа посвящена базам данных в биологии, методам, которые используются в молекулярной биологии, связанных с использованием информационных технологий.*

База данных – это организованная структура, предназначенная для хранения информации. В современных базах данных хранятся не только данные, но и информация [1, 2].

Биологические базы данных – это архивы согласованных данных, касающихся разных областей биологии (прежде всего молекулярной), хранящихся в единой форме. Эти базы содержат данные широкого спектра разных областей молекулярной биологии. Они доступны через интернет и оснащены интерфейсом для поиска информации [3].

В настоящее время выделяют следующие типы биологических баз данных: первичные или архивные, таксономические, нуклеотидные, геномные, белковые.

Первичные или архивные базы данных содержат аннотированные первичные структуры ДНК и белков, пространственные структуры нуклеиновых кислот и белков, профили экспрессии генов белков клеток. К ним же относятся библиографические базы данных, например Medline, они сопоставляют термины, введенные пользователем, со стандартными терминами из четырех справочников Medline: индексом MESH, базой названий журналов, индексом фраз и авторов.

Таксономические – самые популярные базы данных. Расположены при NCBI. Цель – централизовать классификацию всех организмов, представленных в базе хотя бы одной последовательностью гена или белка [3, 4].

Нуклеотидные базы данных принимают информацию по последовательностям ДНК и предоставляют открытый доступ к ней. Доступ к приведенным базам данных бесплатный и возможен через интернет. Примеры нуклеотидных баз данных: EMBL-SVA, GenBank, DDBJ, UniGene [3, 4].

Геномные базы – базы данных с упором на статистический и сравнительный анализ предсказанных протеомов полностью сиквенированных организмов

мов, организуют доступ к геномам различных организмов. К ним относятся Genomes Server, OMIA.

Белковые базы данных – универсальные базы данных, которые покрывают узкие семейства или группы белков, или белки из определенного организма [4]. Наиболее известными среди этого типа баз данных являются UniProt, PDB.

Современная молекулярная биология и молекулярная генетика определяют развитие как фундаментальной, так и прикладной биологии. Огромное разнообразие подходов к решению задач исследований требует все более точных и быстрых методов анализа. Практически все методы, которые используются в молекулярной биологии, связаны с использованием информационных технологий, в частности технологии баз данных.

### **Библиографический список**

1. Солнцева, О.В. Основы работы в среде MS ACCESS: методические рекомендации для практических занятий и самостоятельной работы / О.В. Солнцева, Н.Э. Бунина. – Ульяновск: УГСХА, 2007. – 50 с.
2. Информационные системы и технологии в экономике: учебное пособие для специальностей экономического профиля/ В.В. Романов, О.В. Солнцева, А.В. Севастьянова, О.А. Заживнова. – Ульяновск: УГСХА, 2010. – 134 с.
3. Объединенный центр вычислительной биологии и биоинформатики [Электронный ресурс]. - Режим доступа: <http://www.jcbi.ru/>.
4. Практическая молекулярная биология [Электронный ресурс]. - Режим доступа: <http://molbiol.edu.ru/>.

## **DATABASE IN BIOLOGY**

*Salakhova L.I., Rodionova A.V.*

**Key words:** *bioinformatics, biology, database genomics, proteomics*

*The work is devoted to databases in biology methods used in molecular biology related to the use of information technology.*