

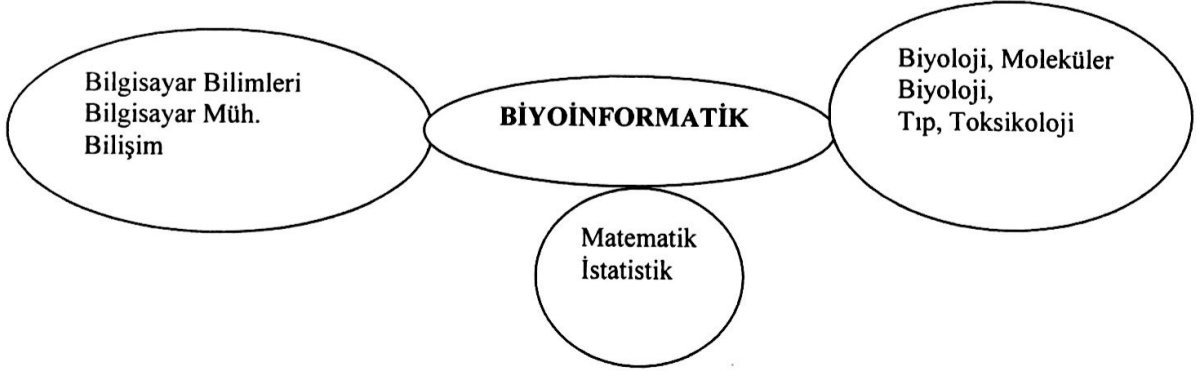
TANIMI

Biyoinformatik, biyolojinin çeşitli dalları, ancak özellikle moleküler biyoloji ile bilgisayar teknolojisini ve bununla ilişkili veri işleme aygıtlarını bünyesinde barındıran bilimsel disiplin.

Biyoinformatik yaşam bilimleri , bilgisayar teknolojisi ve bununla ilişkili veri işleme aygıtlarını bünyesinde barındıran bilimsel disiplin.

Genç bir bilim dalı olarak biyoinformatik (bioinformatics), yaşam bilimleri ve bilgisayar bilimlerinin kesişiminde yer alan bir ara disiplin [1] veya biyolojik bilginin analizi ve işlenmesi ile ilgilenen bir bilim dalı olarak tanımlanabilir

Yale Üniversitesi'nden Gerstein, biyoinformatiği, biyolojik moleküllerle ilgili bilgiyi elde etmek, yönetmek ve anlamak için biyolojiyi moleküler açıdan kavramşallaştıran (fiziko-kimya anlamında) ve uygulamalı matematik, istatistik ve bilgisayar bilimleri gibi alanlardan türeyen enformatik tekniklere uygulayan bir bilim dalı olarak tanımlamaktadır



Biyoinformatiğin intedisipliner karakteri

ORTAYA ÇIKIŞI

1960'larda başlayan bilgisayar uygulamalarının biyolojide kullanılması girişimi, her iki alandaki teknolojik gelişime paralel olarak hızla ilerlemiş ve böylelikle ortaya çıkan. **Biyoinformatik** dalı bugün en popüler akademik ve endüstriyel sektörlerin başına geçmiştir.

Bilgisayarların moleküler biyolojide kullanımı üç boyutlu moleküler yapıların grafik temsili, moleküler dizilimler ve üç boyutlu moleküler yapı veritabanları oluşturulması ile başlamıştır. Kısa sürede çok yüksek miktarlarda veri üreten, endüstri düzeyinde gen ekspresyonu, protein-protein ilişkisi, biyolojik olarak aktif molekül araştırmaları, bakteri, maya, hayvan ve insan genom projeleri gibi biyolojik deneylerin doğurduğu talep sonucunda, bu alandaki bilişim uygulamaları neredeyse takip edilemez bir hızda gelişmiştir. **Biyoinformatik** dalının ayrı bir (disiplinlerarası) bilim dalı olarak tanınması da son 10 yılda gerçekleşmiştir.

Çalışma alanları

Biyoinformatik genel olarak biyolojik problemlerin çözümünde bilişim teknolojilerinin kullanılması olarak tanımlanabilir. En dar tanımı ile *genomik sekansları destekleyen biyolojik veritabanlarının oluşturulması ve işletilmesi*, en geniş tanımı ile de *mevcut tüm bilgisayar uygulamalarının biyolojik problemlerin çözümünde kullanılması* olarak anlaşılır.

Biyoinformatik modern biyolojinin iki temel bilgi akışını kapsar:

1. Genetik bilgi akışı: Bir organizmanın DNAsı incelenerek özelliklerinin belirlenmesinden, incelenen bu organizma türünün oluşturduğu toplulukların karakteristik özelliklerine kadar olan bilgi akışı. Elde edilen DNA bilgisi tekrar genetik havuzun tanımlanması için kullanılır.

2. Deneysel bilgi akışı: Biyolojik olaylar gözlenerek elde edilen enformasyon, açıklayıcı modeller ile tarif edilir, daha sonra bu modellerin doğruluğu yeni deneyler ile test edilir.

Son yirmi yılda temel biyolojik araştırmaların klinik tıp uygulamaları ve klinik tıp bilgi sistemleri üzerindeki etkisi daha da belirleyici olmuş ve bugün yeni kuşak epidemiyojik, tanı, teşhis ve tedavi amaçlı modüllerin ortaya çıkmasına yol açmıştır. **Biyoinformatik** çalışmalar temel bilimsel araştırmalara yönelik görünmekle beraber önümüzdeki on yıl içinde klinik bilişim için vazgeçilmez olacaktır. Örneğin hastaların medikal formlarında giderek artan bir sıklıkla DNA dizilim bilgileri yer almaya başlayacaktır. Bugün ABD'de bazı sigorta şirketleri, risk primleri belirlenirken mevcut genetik tarama test sonuçlarını talep edebilmektedir. **Biyoinformatik** araştırmalar için geliştirilen algoritmaların çok yakında klinik bilişim sistemlerine entegre olması beklenmektedir.

Toksikoloji açısından ; İlaç ve kimyasalların olası toksik etkileri öngörülmesi ve risk değerlendirmelerinin, nitel anlamda, daha sağlıklı yapılmasını sağlayacaktır. (Moleküler düzeyde belirlenecek biyogöstergelerle sağlık risklerinin önceden öngörülmesi)

Eczacılık açısından yeni rasyonel ilaç tasarımlarında uygulanması söz konusudur.

Bu alanı kısaca tanımlamanın bir yolu da biyoinformatik araçların kullanıldığı genel araştırma konularını özetlemek olabilir:

Metodolojik çalışmalar

1. DNA sıra ve dizilimi arařtırmaları
2. Protein sıra ve dizilimi arařtırmaları
3. Makromoleküler yapıların (DNA,RNA,protein) üç boyutlu dizilim arařtırmaları
4. Küçük moleküllerin (potansiyel terapötik maddeler,aktif peptidler,ribozimler vs.) ligandlarıyla etkileşiminin arařtırılması
5. Heterojen biyolojik veritabanlarının entegrasyonu
6. Biyolojik enformasyonun paylaşımının kolaylaştırılması
7. Bilgisayar ile otomize edilmiş veri analizi ve iletimi
8. Etkileşimde bulunan gen ürünleri için bilgi ağları oluşturulması
9. Kimyasal reaksiyonlardan hücrelerarası iletişime kadar pek çok biyolojik faaliyet sürecinin simülasyonu
10. Büyük çaplı biyolojik deneylerden (GENOM projeleri gibi) çıkan sonuçların analizi

TOKSİKOGENOMİKS

Yeni gelişen Genomiks, proteomiks, metabonomiks ve biyoinformatiks teknolojilerini birleştirerek bilinen ve şüphe edilen toksik maddelerin mekanizmalarını aydınlatan TOKSİKOLOJİNİN yeni bir alt dalıdır.

BİYOİNFORMATİK-TOKSİKOLOJİ

TOKSİKOİNFORMATİK

İstatistik, veri madenciliği (Yönetimi) ve bilişim teknolojilerinin Toksikolojiye yeni bilgilerin keşfi amacıyla uygulanmasıdır.