

ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЕ АЛГОРИТМЫ ИССЛЕДОВАНИЯ ФЕНОМЕНОЛОГИИ БИОЛОГИЧЕСКОЙ ИНФОРМАТИКИ

Степанян И.В., Свирин В.И.

Москва, ул Бардина, 4, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт машиноведения им. А.А. Благонравова Российской академии наук (ИМАШ
РАН)

Для исследований в области биологической информатики и геномной инженерии перспективны системы анализа слабоструктурированных данных (Бодякин В.И., 2009). Данные алгоритмы позволяют автоструктурировать для выявления скрытых зависимостей данные молекулярной биологии, включая длинные генетические секвенции, а также комплекс научных данных по вопросам, связанным с бионикой и биомиметикой.

Настоящая работа продолжает исследование молекулярно-генетических структур на основе идей и методов, возникших в области матричной генетики (Петухов С.В., 2008).

Авторами были разработаны и внедрены в сеть интернет вычислительные алгоритмы семантического анализа данных биологической информатики с учетом идеи позиционирования бинарных языков в генетических секвенциях и с применением теории гиперкомплексных числовых систем.