

## ·编者按·

随着高通量高分辨率组学技术的发展,以基因组学、蛋白组学、代谢组学等为代表的海量生命组学数据随之大量产生,相关的信息挖掘算法和系统生物学研究成了生物信息学发展的新热点.一方面,现代生命科学的发展已经越来越离不开信息科学的支撑,需要信息科学领域的学者参与;另一方面,现代生物科学,特别是生命组学,正在以前所未有的速度发展,这能够给从事复杂系统的研究人员提供各种高维非结构化高噪声背景的海量数据,为复杂系统的建模和分析提供了十分难得的研究平台.《科学通报》“生物信息学”专题在这个时候出版,具有十分重要的意义.

《科学通报》“生物信息学”专题经过近一年的筹备,邀请了一批在国内从事生物信息学研究的相关单位进行组稿.本专题的稿件包括了分子进化与分类、细胞生物过程建模、代谢网络流分析、核小体定位预测、全基因组 DNA 甲基化预测、蛋白质在基因组 DNA 上的作用位点分析等研究,内容涵盖了微生物基因组重组、生物分子系统的建模、真核生物基因表达调控网络、代谢网络分析方法、DNA 深度测序数据分析等生物信息学的热点研究方向,从新的算法研究、系统建模、以及生物学新知识的发现等多层次反应了国内生物信息学的相关研究工作.由于版面的限制,本专题仅仅录用了有限的稿件.但是,通过本专题,读者可以从一个侧面了解到我国现阶段生物信息学的研究动态.这对关注我国生物信息科学发展的研究人员,特别是信息科学领域的学者和研究生,有较高的学术价值.

生物信息学是一个发展十分迅速的前沿研究领域.本专题的出版希望能够起到抛砖引玉的作用.一方面希望国内更多高水平的学者能够关注和参与生物信息学的发展,在国内做出更多更好的研究成果,进一步提高我国生物信息学领域的学术地位.另一方面,希望国内生物信息学的研究人员能够关注《科学通报》,希望将来有更多更好的生物信息学领域的研究成果能够通过《科学通报》这个平台展示.

《科学通报》“生物信息学”专题的出版得到了副主编郑南宁院士的关心和支持.在此,向郑南宁院士表示特别的感谢.同时,也向为本专题提供稿件的各位作者和评审专家的支持表示衷心的感谢.

专题特邀编辑 陆祖宏

(东南大学生物科学与医学工程学院,生物电子学国家重点实验室)