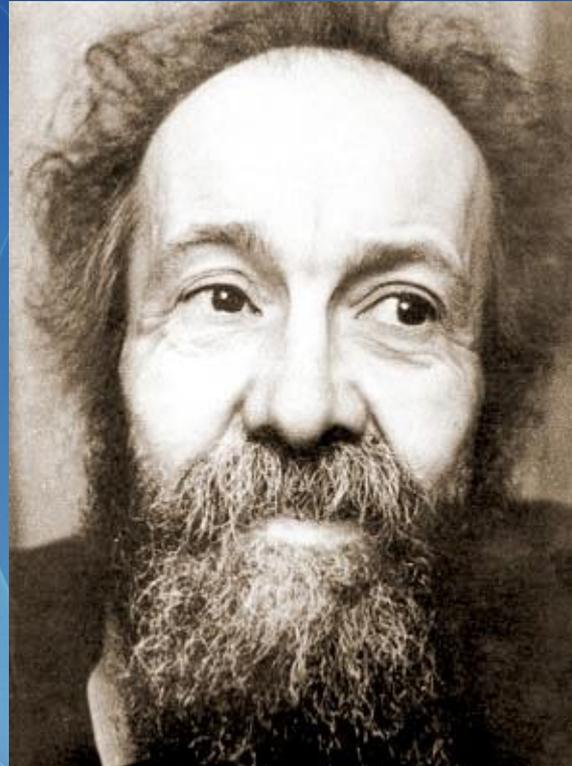


Алексей Андреевич Ляпунов: становление биоинформатики



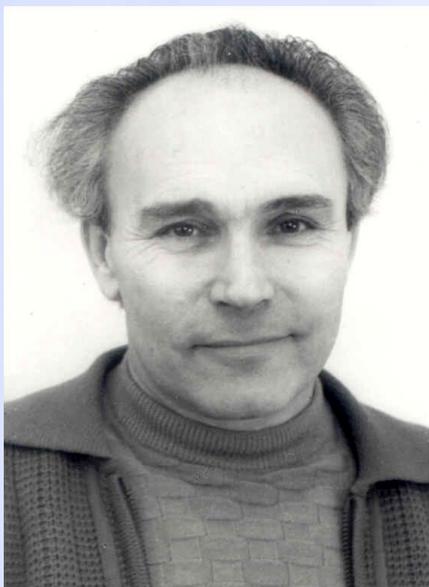
Колчанов Н.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН

СТАНОВЛЕНИЕ БИОИНФОРМАТИКИ: СОРАТНИКИ И КОЛЛЕГИ А. А. ЛЯПУНОВА В СИБИРСКОМ ОТДЕЛЕНИИ АН СССР



**Дмитрий Константинович
Беляев (генетик, ИЦиГ СО РАН)**



**Вадим Александрович
Ратнер (генетик, ИЦиГ СО РАН)**



**Михаил Григорьевич
Колпаков (физиолог, ИЦиГ СО РАН)**



**Игорь Андреевич
Полетаев (инженер – математик, ИМ СО РАН)**

Информационный взрыв в биологии: новые технологии расшифровки геномов

Характеристики	Секвенаторы <u>ВТОРОГО</u> поколения			Секвенаторы <u>ТРЕТЬЕГО</u> поколения (single molecule-SMS)		
	454-FLX	Illumina/Solexa	SOLiD 4	Helicos tSMS	PacBio SMRT	Complete Genomics
Длина пробы (п.о.)	240–400	200	2 x 50	30	1 000	2 x 35
Геном человека: стоимость расшифровки (\$)	1 000 000	20 000	10 000	70 000	Ниже 10 000	5000



Для разработки новых технологий секвенирования National Human Genome Research Institute (США) в 2007 году инициировал проект «ГЕНОМ ЗА \$1000»

СИСТЕМНАЯ БИОЛОГИЯ: ИНТЕГРАЦИЯ ЭКСПЕРИМЕНТА И БИОИНФОРМАТИКИ

Цель - изучение организации и механизмов функционирования живых систем на различных уровнях их иерархической организации на основе информации, закодированной в их геномах



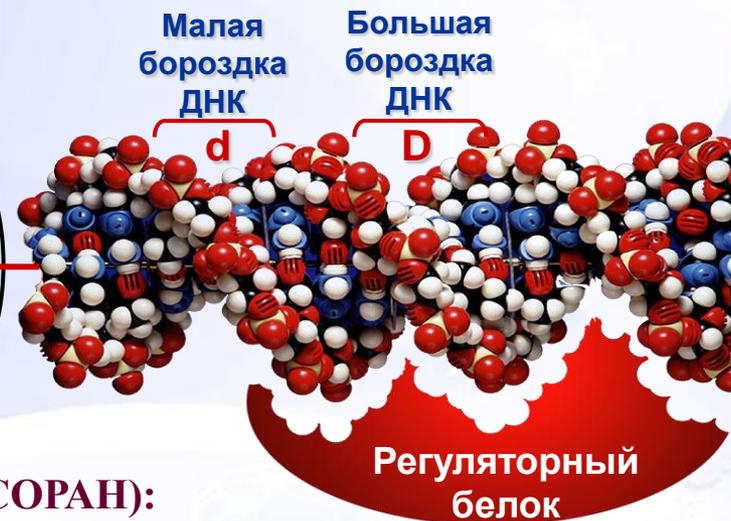
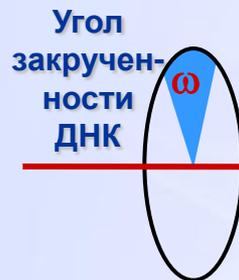
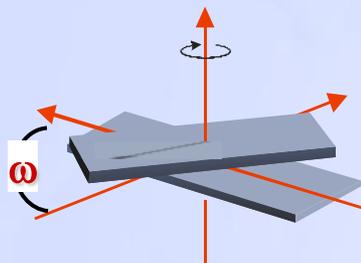
Системная компьютерная биология сформировалась как наука, когда она приобрела способность к количественному предсказанию и планированию эксперимента

Регуляторная машина генома

Конформационные коды двойной спирали ДНК

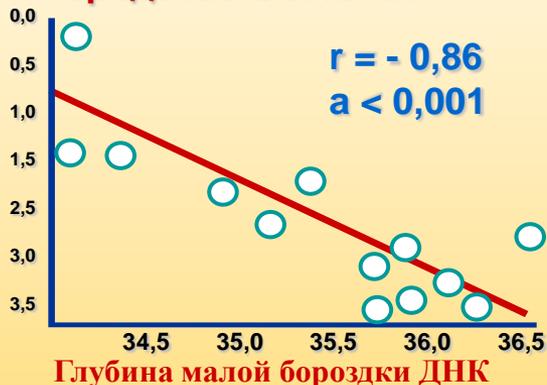
Динуклеотид ω

AA	35.6
AT	29.3
AG	31.9
AC	31.1
TA	39.5
TT	35.6
TG	36.0
TC	35.9
GA	35.9
GT	31.1
GG	33.3
GC	34.6
CA	35.9
CT	31.9
CG	34.9
CC	33.3

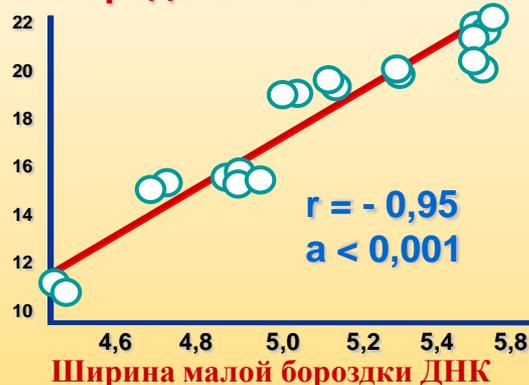


М.П. Пономаренко ИЦиГ СОРАН):
 предсказание аффинности белков к сайтам
 на основе конформационных параметров ДНК

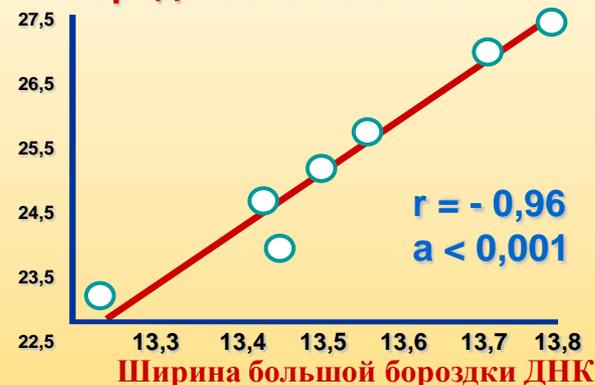
Сродство USF/DNA



Сродство TBP/DNA

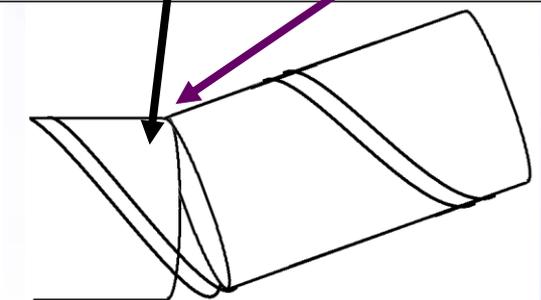
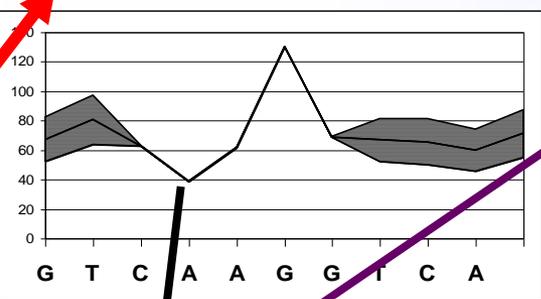
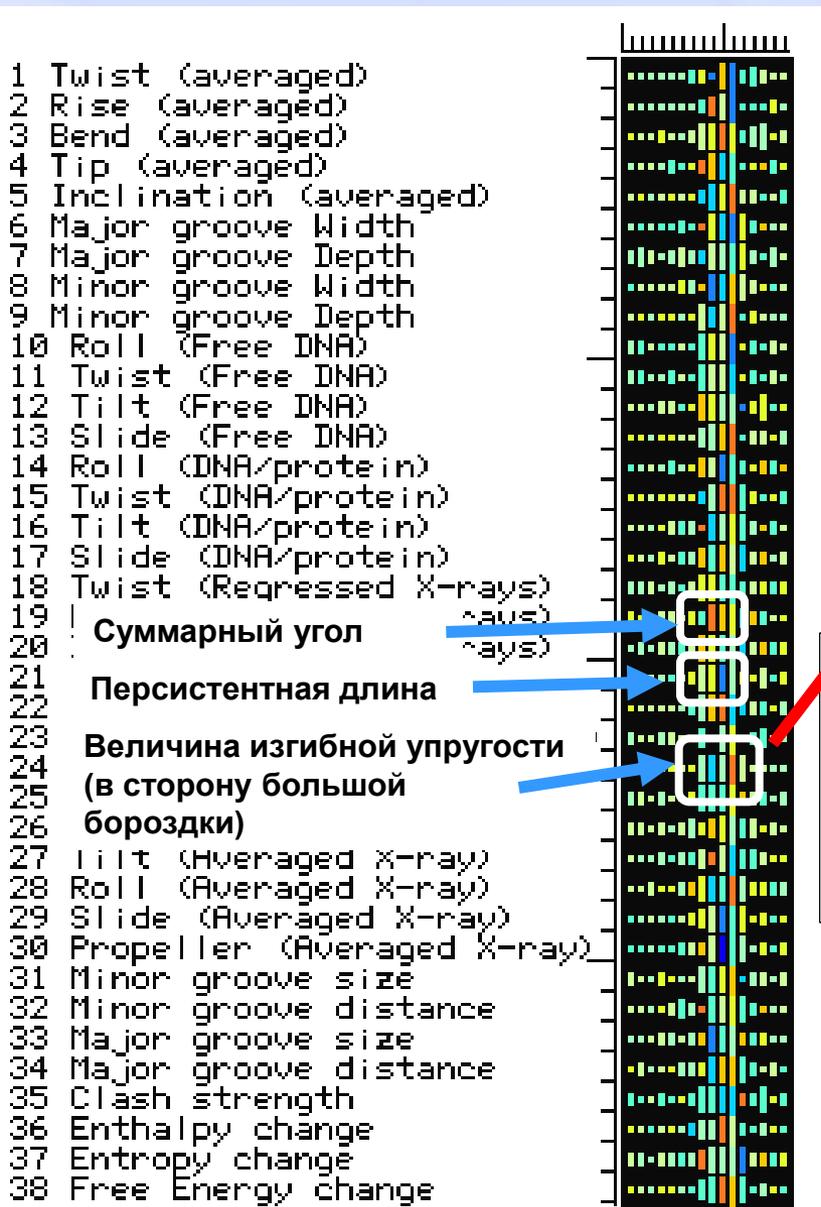


Сродство CRO/DNA



Консервативные контекстно-зависимые конформационные и физико-химические свойства ДНК в районе сайта связывания SF-1, выявленные методом SITECON

Д. Ю. Ощепков, ИциГ СО РАН



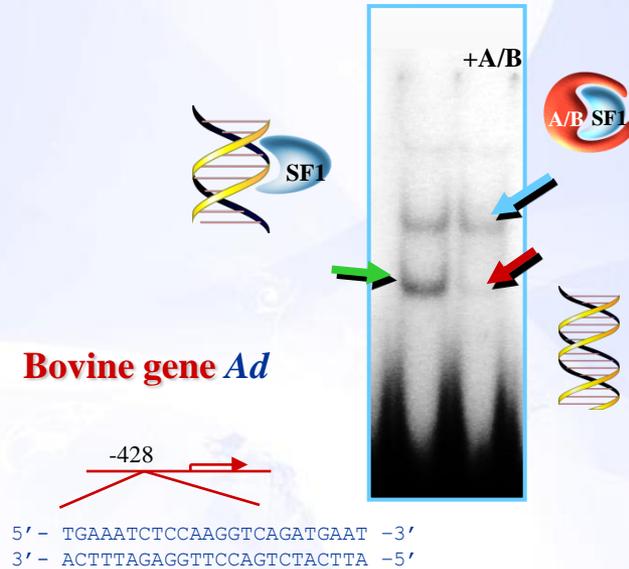
1. Малая персистентная длина ДНК сайта связывания;

2. Малая величина изгибной упругости (в сторону большой бороздки)

3. Увеличенный суммарный угол изгиба ДНК в сайте связывания;

Экспериментальная проверка точности метода распознавания сайтов связывания транскрипционного фактора SF-1, регулирующего транскрипцию генов стероидогенеза, методом SITECON

Gene	Position of SF1 site	Orientation of the site	Experimental verification
1 Cyp17(Mouse)	-283	<-	+
2 Cyp17 (Mouse)	-49	->	+
3 Ad (Bovine)	-428	<-	+
4 Cyp11B1 (Guinea pig)	-126	<-	+
5 Cyp11B3 (Rat)	-309	->	+
6 Cyp11B1 (Sheep)	-337	->	+
7 Oxt (Mouse)	-164	<-	+
8 Oxt (Rat)	-167	<-	+
9 Oxt (Human)	-159	<-	+
10 Cyp11B2 (Rat)	-324	->	+
11 HSD3b (Mouse)	-113	<-	+
12 Ad4BP/SF-1 (Mouse)	-224	->	+
13 CYP17 (Porcine)	-51	->	+
14 HSD17BI (Rat)	-84	<-	+
15 LH beta (Porcine)	-114	<-	+



- complex SF1/DNA
- disappearance or weakening of SF1/DNA complexes under addition of specific antigens (A/B)
- complexes formed by other proteins

15

100%

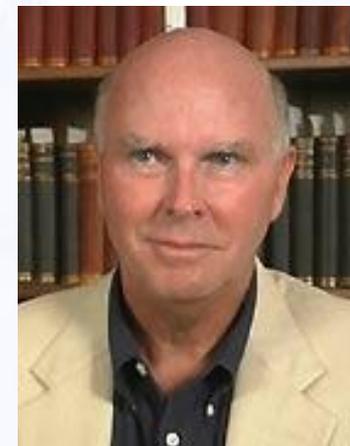
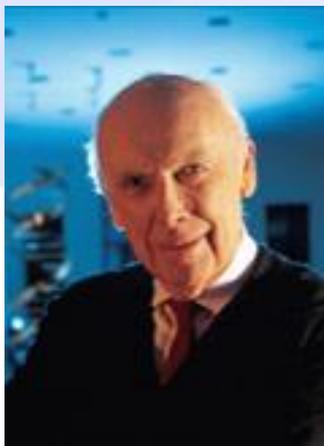
Д. Ю. Ощепков, ИциГ СО РАН

Генетическая изменчивость

Полногеномное секвенирование человека: Дж. Уотсон, Кр. Вентер и анонимный китаец-УН. Показаны однонуклеотидные различия (SNP) между геномами

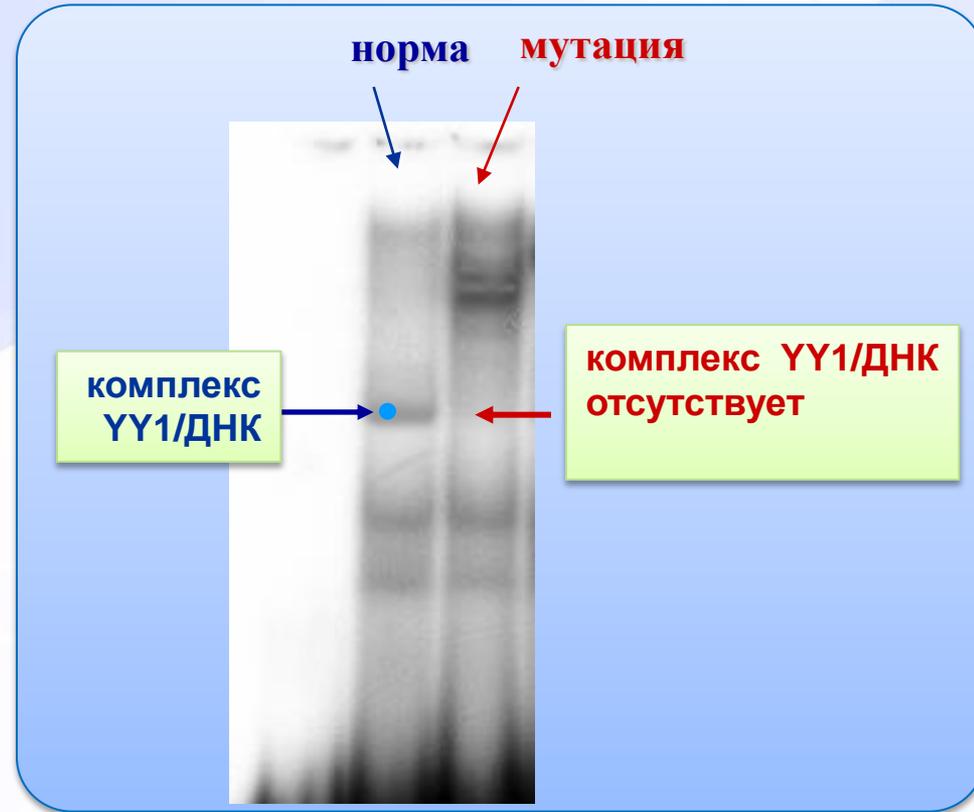
Всего SNP по сравнению с референсным геномом		Из них			Литература
		Ранее известные в dbSNP	Новые	Уникальные	
Дж. Уотсон	3 322 093	2 715 296	606 797	~1 096 873	Wheeler et al., 2008
Кр. Вентер	3 470 669	2 822 902	647 767	~647 767	
Китаец (УН)	~3 285 600	~2 260 000	~820 000	~978 370	Jun Wang et al., 2008

Число уникальных SNP (отличия от референсного генома), выявленных в геномах Дж. Уотсона, Кр. Вентера и одного из представителей монголоидной расы ~ 2 723 000



Мутация G --> A в 6-м интроне гена триптофан 2,3 диоксигеназы сопровождается комплексом психических патологий, таких как рассеянное внимание, высокий риск наркотической зависимости и др. (М.П. Пономаренко, ИЦиГ СО РАН)

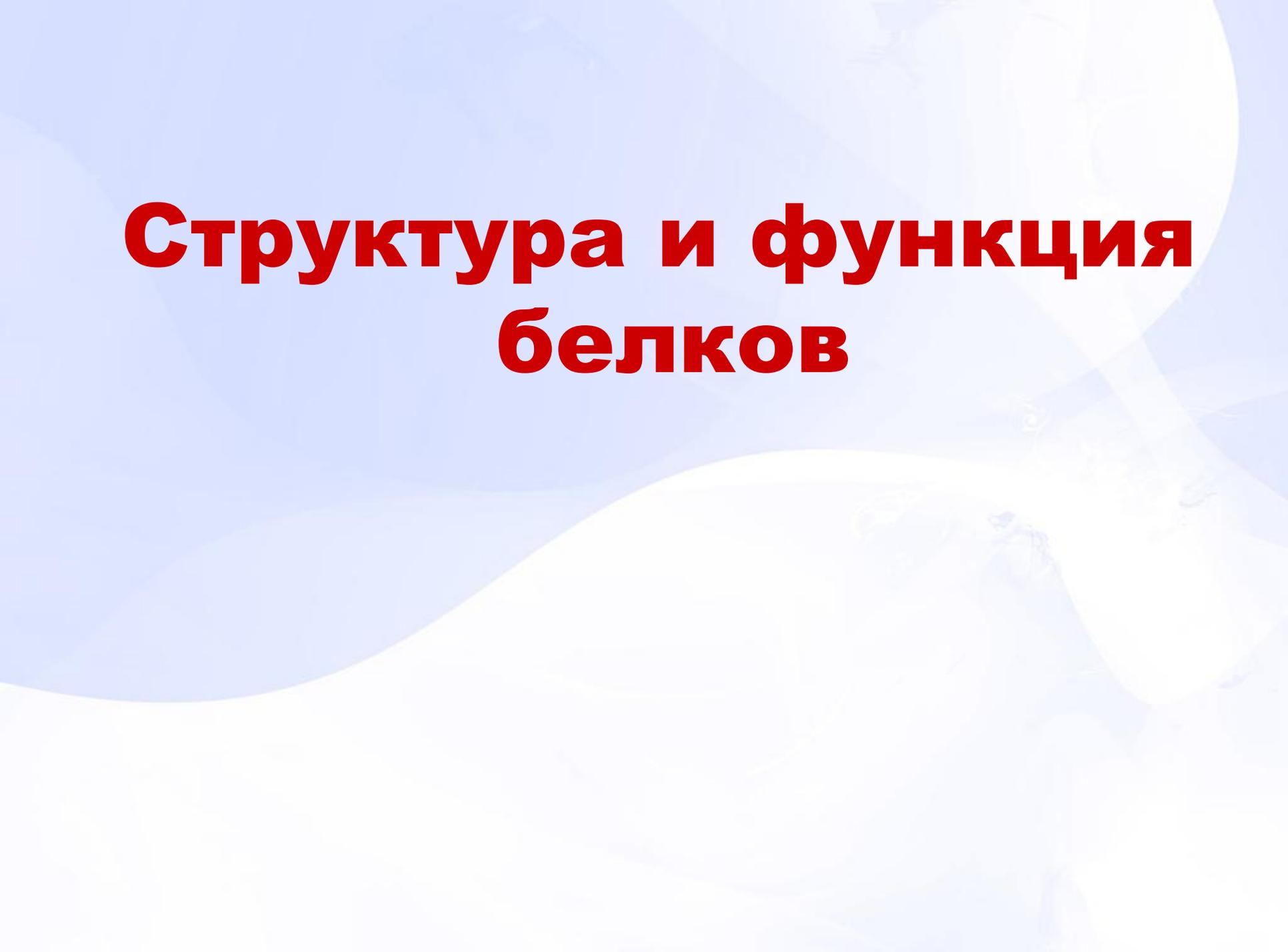
Экспериментально-компьютерный анализ доказал, что мутация повреждает сайт связывания транскрипционного фактора YY1.



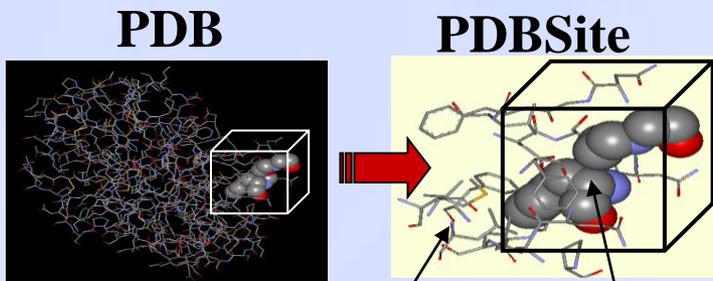
Норма : 5' - cagtTGCCAAATAATG**G**CAGATAAGAATAGGGAG - 3'

Мутация : 5' - cagtTGCCAAATAATG**A**CAGATAAGAATAGGGAG - 3'

Структура и функция белков

The background of the slide features a faint, semi-transparent image of a protein's 3D structure, showing a complex network of atoms and bonds. The structure is rendered in light blue and white tones, set against a light blue gradient background with soft, wavy patterns.

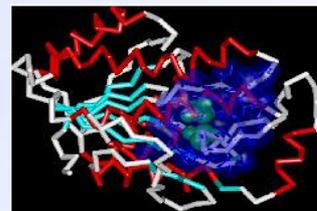
**Создана база данных PDBSite,
содержащая информацию
о пространственных структурах более
чем 100 000 активных центров белков**



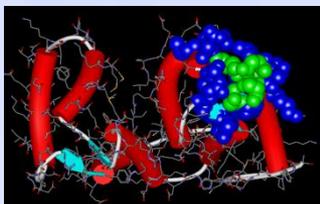
Окружение активного центра

Активный центр

**Сайты связывания
лекарств**



Каталитические центры

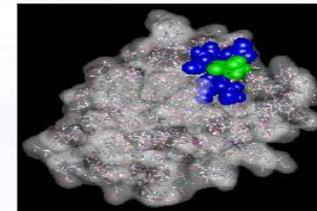
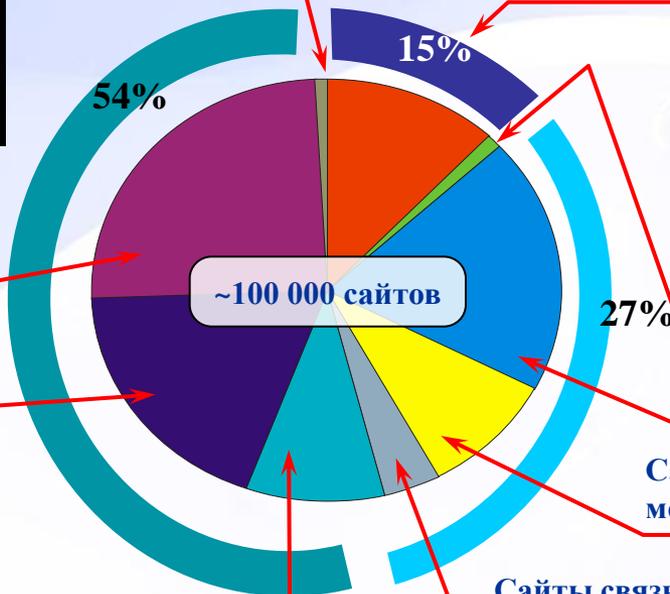


**Сайты белок-белковых
взаимодействий**

**Сайт взаимодействий
белок-РНК**



Сайт взаимодействий белок-ДНК



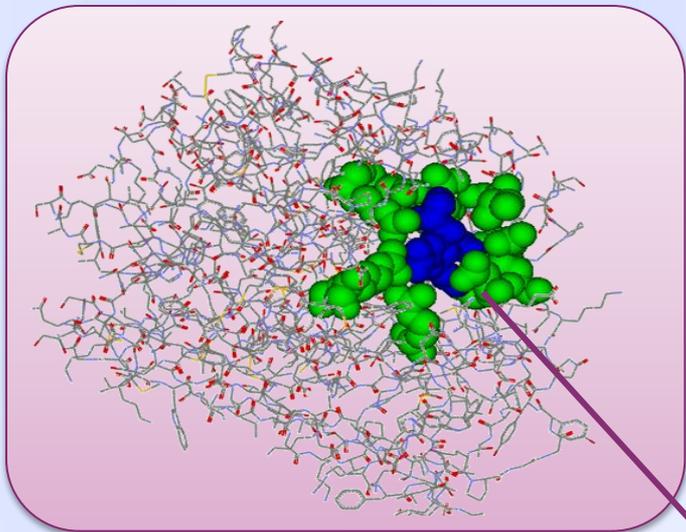
**Сайты посттрансляционной
модификации**

**Сайты связывания органических
лигандов**

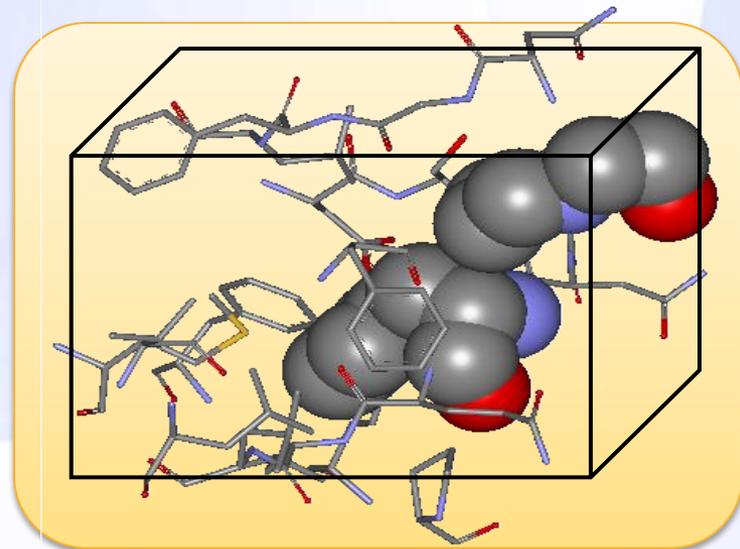
**Сайты связывания ионов
металлов**

**Сайты связывания неорганических
лигандов**

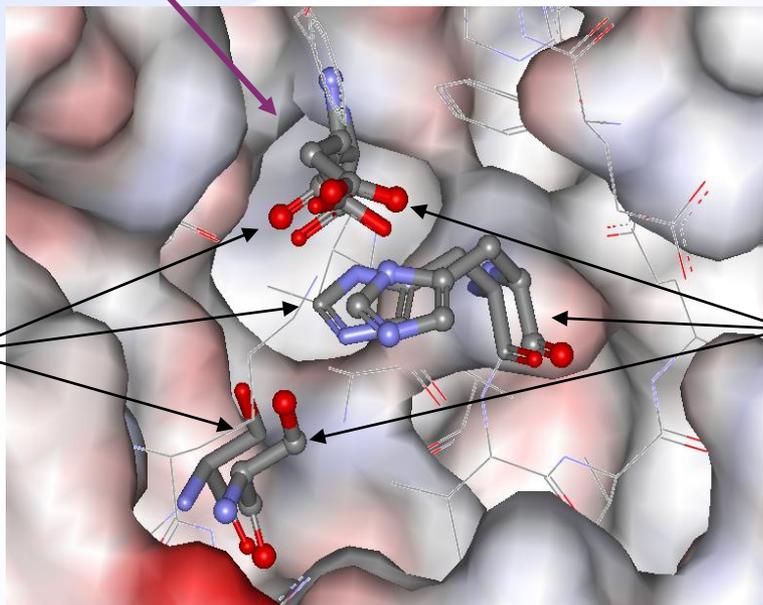
PDBSite: База данных функциональных сайтов в пространственных структурах белков: 100 000 сайтов



Поиск сайтов
в 3-D структуре
белков



Аминокислотные остатки
распознанного
каталитического центра в
сериновой протеазе
человека (1ELV)



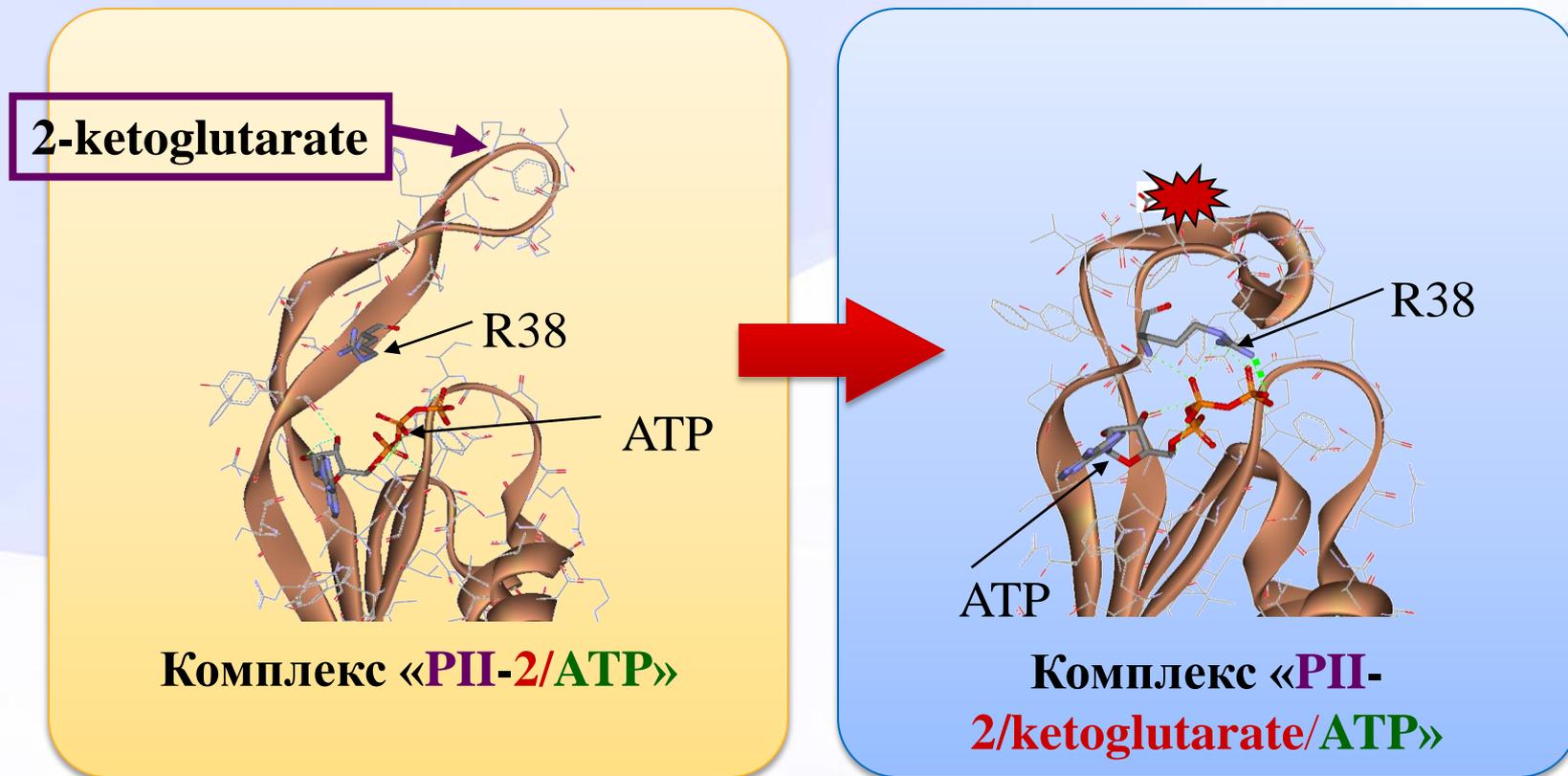
Аминокислотные остатки
каталитического центра
сериновой протеазы
(1BQY) из базы PDBSite.

Иванисенко и соавт.,
2008, ИЦиГ СО РАН

ПОИСК НОВЫХ ФАРМАКОЛОГИЧЕСКИХ МИШЕНЕЙ

Белок РII – важнейший регулятор метаболизма азота, сигнальной трансдукции и мембранного транспорта *Mycobacterium tuberculosis*. Компьютерный анализ (программа PDB-Site) выявил в этом белке сайты связывания 2-кетоглутарата. Молекулярное моделирование показало, что связывание 2-кетоглутарата приводит к перестройке белка РII и повышению его сродства к АТФ.

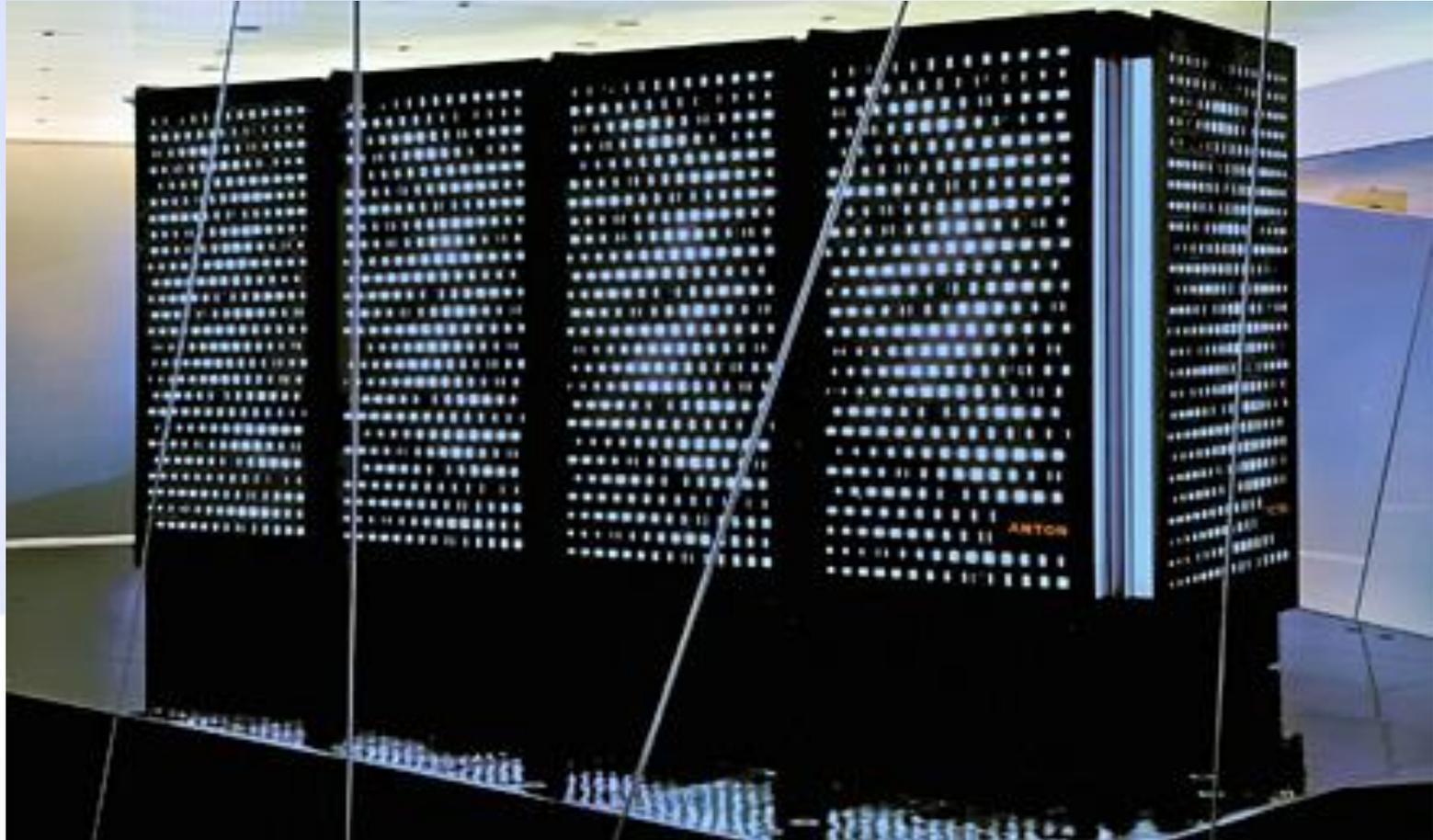
Таким образом, согласно нашим расчетам, 2-кетоглутарат действует как аллостерический регулятор связывания РII с АТФ.



Экспериментальная проверка на приборе BIOCORE подтвердила результаты компьютерного анализа (Bandyopadhyay et al., The Journal of Biochemistry, 2009).

Суперкомпьютер АНТОН для моделирования молекулярной динамики биологических макромолекул на протяжении 100 микросекунд за 24 часа машинного времени

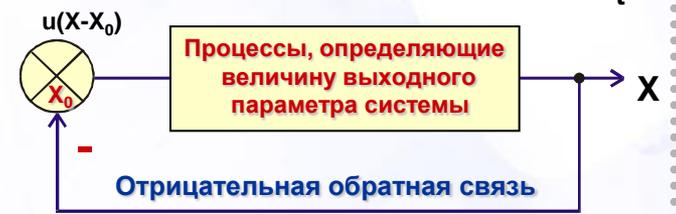
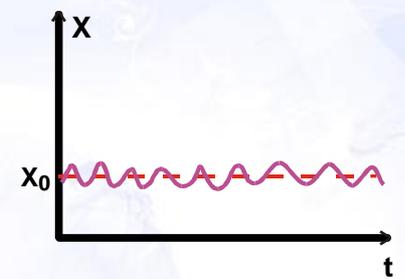
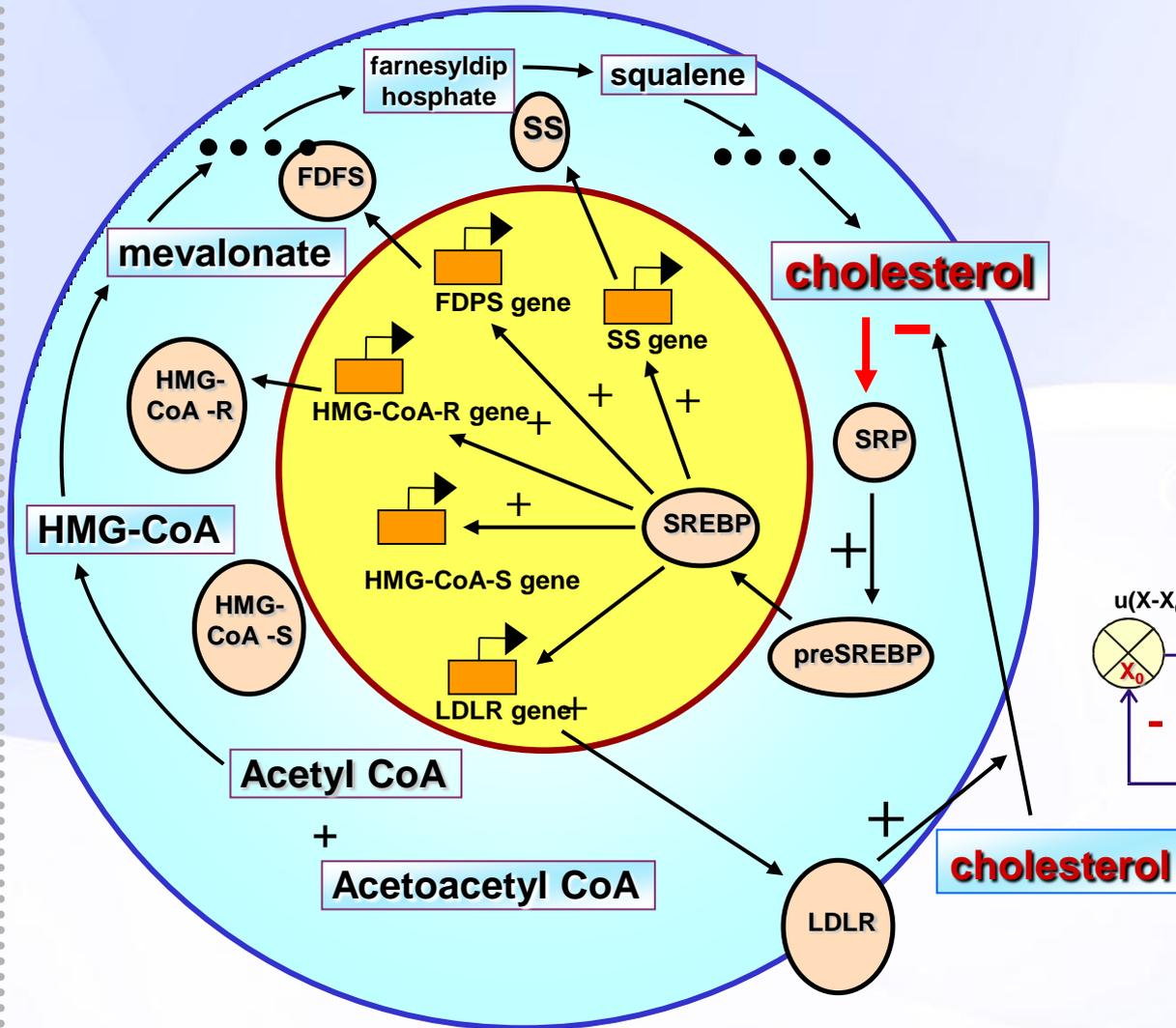
David E. Shaw, Science (2010, 330, 341)



ГЕННЫЕ СЕТИ

Генные сети – это группы координированно функционирующих генов, взаимодействующих друг с другом через продукты – РНК, белки, метаболиты и др., обеспечивающих на основе информации, закодированной в геномах, формирование всех фенотипических характеристик организмов (молекулярных, биохимических, клеточных, физиологических, морфологических, поведенческих и т.д.).

ЦЕНТРАЛЬНЫЙ ФРАГМЕНТ ГЕННОЙ СЕТИ БИОСИНТЕЗА ХОЛЕСТЕРИНА В КЛЕТКЕ (РЕГУЛЯЦИЯ ПО МЕХАНИЗМУ ОТРИЦАТЕЛЬНОЙ ОБРАТНОЙ СВЯЗИ)



**Реконструкция генных
сетей на основе
автоматического
анализа
текстов и баз данных**

ANDCell: компьютерная система для реконструкции ассоциативных сетей на основе автоматического анализа баз данных и текстов научных публикаций

Молекулярно-биологические базы данных

Базы данных молекулярных взаимодействий (белок-белок, белок-ген, белок-лиганд и др.)

База данных публикаций

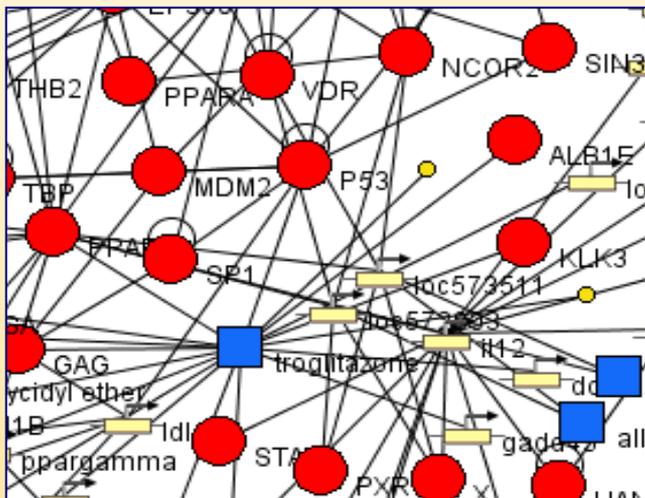
Модуль лингвистического анализа и работы с базами данных

Ассоциативные сети

База знаний ассоциативных сетей:

Словари и онтологии

Ассоциативная сеть



Экспериментально подтвержденные взаимодействия и ассоциации, выявленные в текстах научных публикаций и базах данных

Protein names



370097

Gene names



2474201

Disease names



46109

Metabolite names



79914

Organism names

428439

MicroRNA names



4515

Pathway names



90 000

(42864 – GO; 47136 – PubMed)

Cell component names



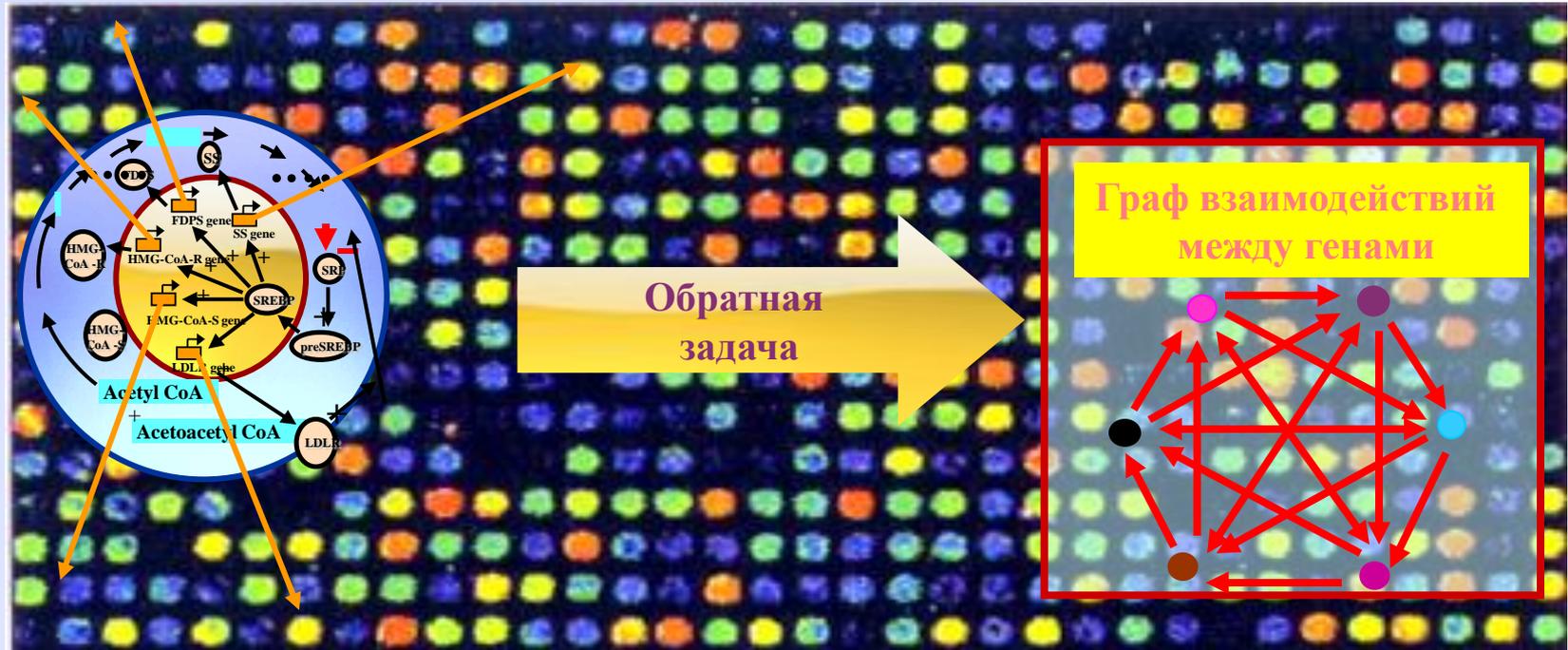
5249

Cell names

396841-PubMed

Реконструкция графов межгенных взаимодействий

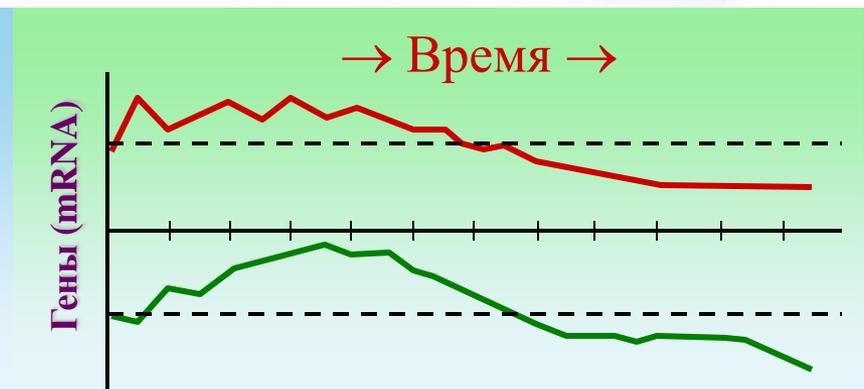
Компьютерные технологии реконструкции графов генных сетей с использованием данных Microarray Analysis



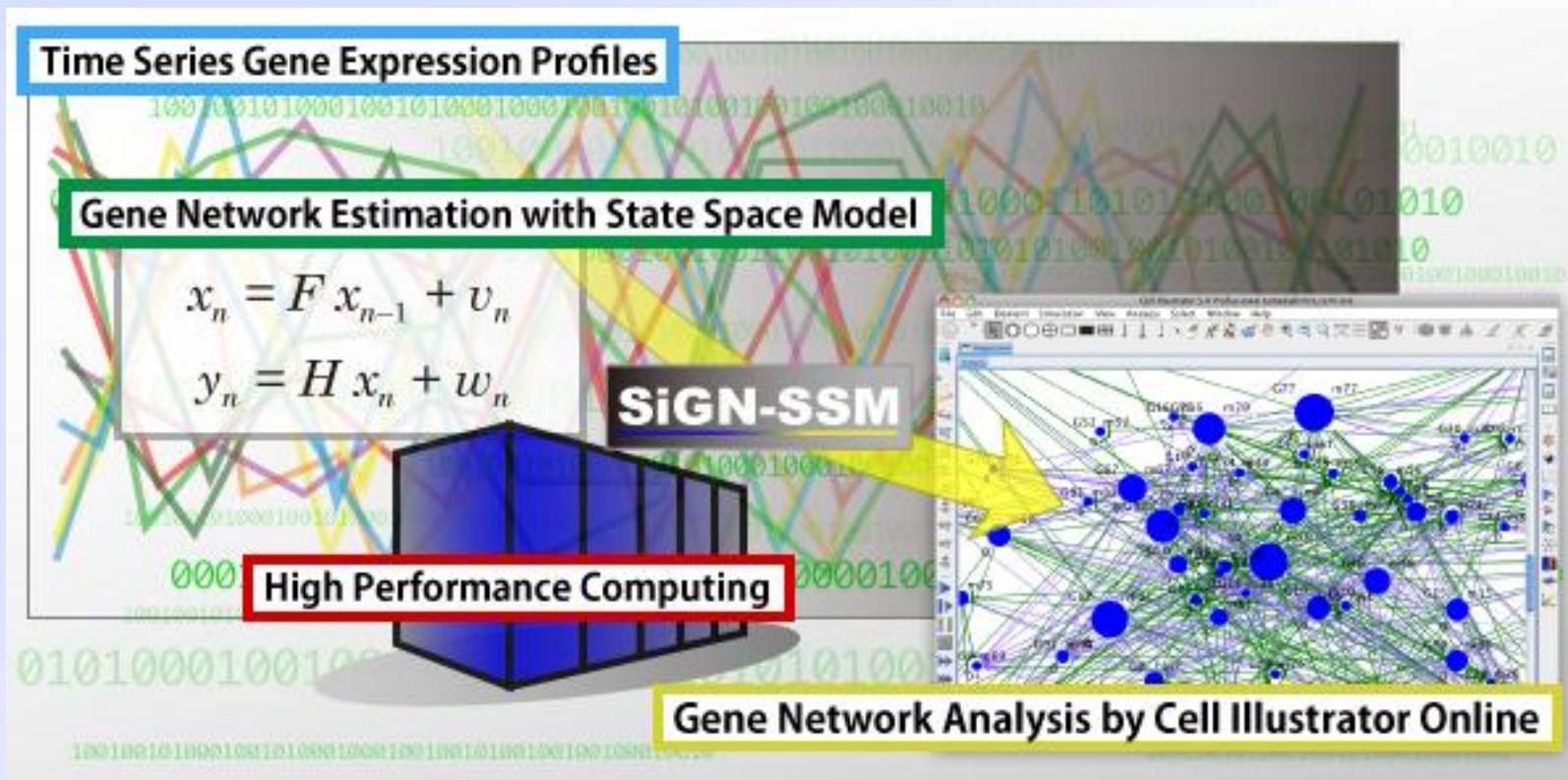
Исходные данные: χ_{ij} \Leftrightarrow концентрация i -го гена
 в j -й временной точке

$$X_{N \times M} := \begin{pmatrix} \chi_1^1 & \chi_1^2 & \dots & \chi_1^M \\ \chi_2^1 & \chi_2^2 & \dots & \chi_2^M \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \chi_N^1 & \chi_N^2 & \dots & \chi_N^M \end{pmatrix}$$

→ Время →



SiGN-SSM - программное обеспечение для реконструкции графов генных сетей на основе профилей экспрессии генов

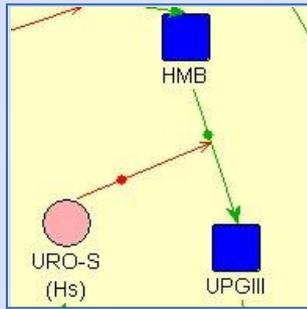
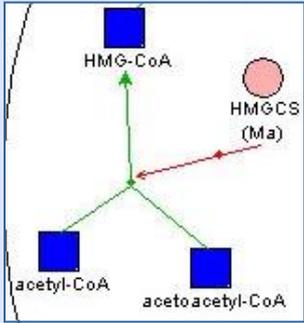


С целью реконструкции генных сетей большой размерности создается версия SiGN для вычислений на [К-компьютере](#) производительностью 10 PF, который Япония предполагает ввести в работу в 2012 году.

Моделирование динамики генных сетей

Примеры формального описания элементарных процессов

(В.А. Лихошвай, ИЦиГ СО РАН)



Обобщенная реакция Михаэлиса – Ментен:

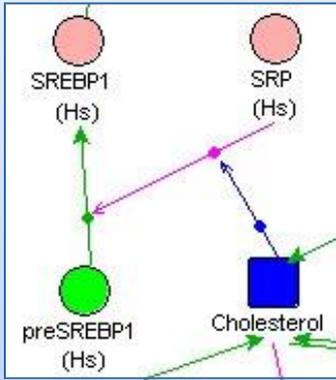
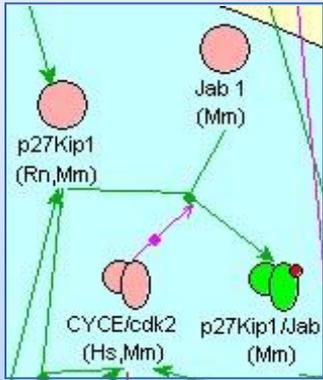
$$\bar{X} = (x_1, x_2, \dots, x_m, y_1, y_2, \dots, y_n),$$

$$\bar{P} = (m, k_i, k_d, a_1, \dots, a_m, b_1, \dots, b_n),$$

$$F: \frac{dx_j}{dt} = -a_j \cdot k_i \cdot Z, \quad j = 1, \dots, m, m \geq 2,$$

$$\frac{dy_l}{dt} = b_l \cdot k_i \cdot Z, \quad l = 1, \dots, n, n \geq 0$$

$$Z = \frac{k_d \cdot x_1 \cdot \dots \cdot x_m}{(k_d + x_1) \cdot \dots \cdot (k_d + x_m) - x_1 \cdot \dots \cdot x_m}$$



Регуляторные процессы:

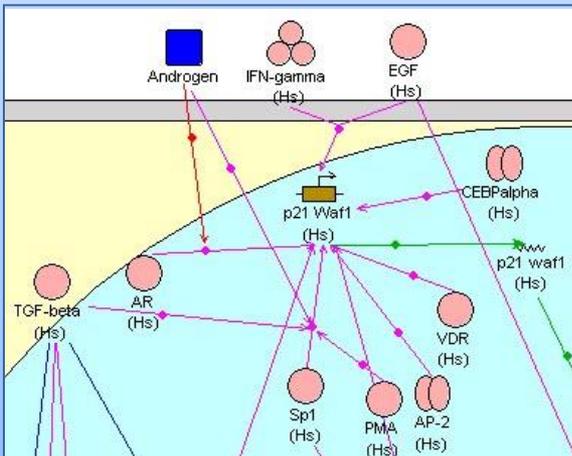
$$-\frac{dX}{dt} = \frac{dY}{dt} = k \cdot \frac{k_1 + \sum_{i=1}^{n_1} \alpha_{1i} A_i^{h_{1i}}}{k_2 + \sum_{i=1}^{m_1} \beta_i I_i^{l_i} + \sum_{i=1}^{n_1} \alpha_{2i} A_i^{h_{2i}}}$$



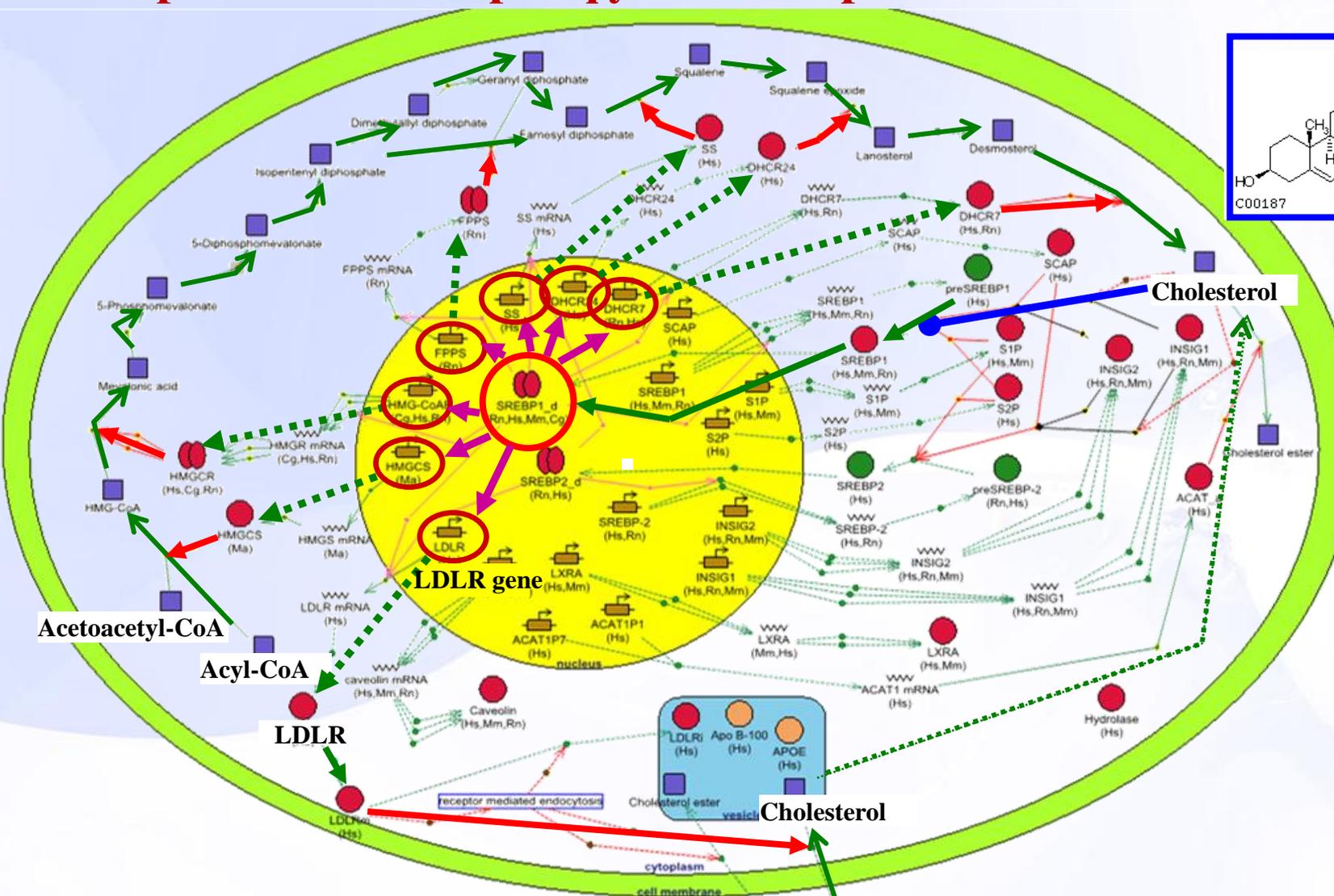
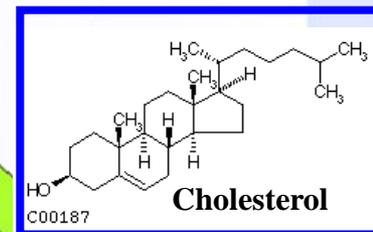
$$\prod_{j=1}^{n_2} \frac{\alpha_{0j} + \alpha_{1j} A_j^{h_{1j}}}{1 + \alpha_{2j} A_j^{h_{2j}}} \cdot \prod_{j=1}^{m_2} \frac{1}{1 + \beta_j I_j^{l_j}} \cdot X,$$

n_1 – активаторов (A_i) и m_1 – ингибиторов (I_i) по аддитивному механизму;

n_2 – активаторов (A_j) и m_2 – ингибиторов (I_j) по мультипликативному механизму



Информация, закодированная в геномах, реализуется и проявляется через функционирование генных сетей



Acetoacetyl-CoA

Acyl-CoA

LDLR

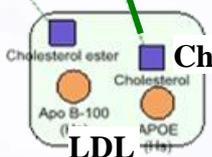
LDLR gene

Cholesterol

Cholesterol

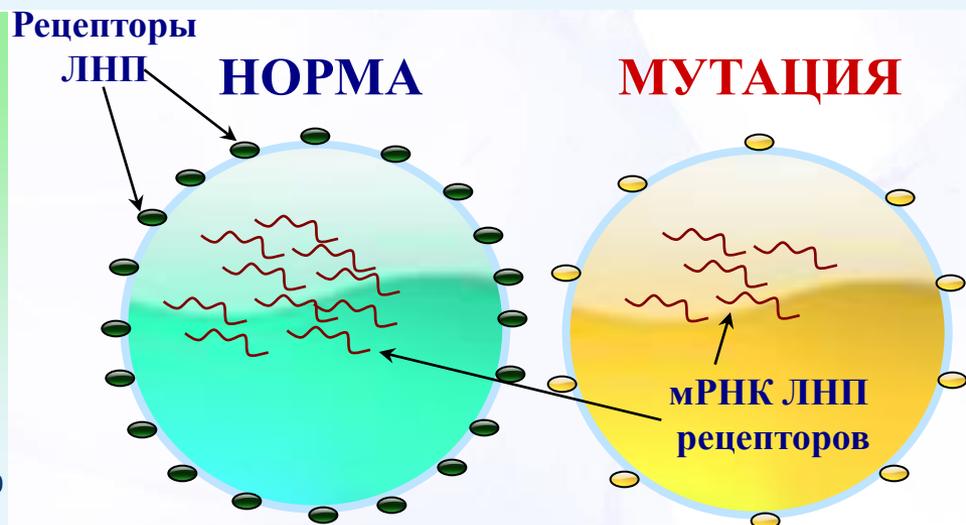
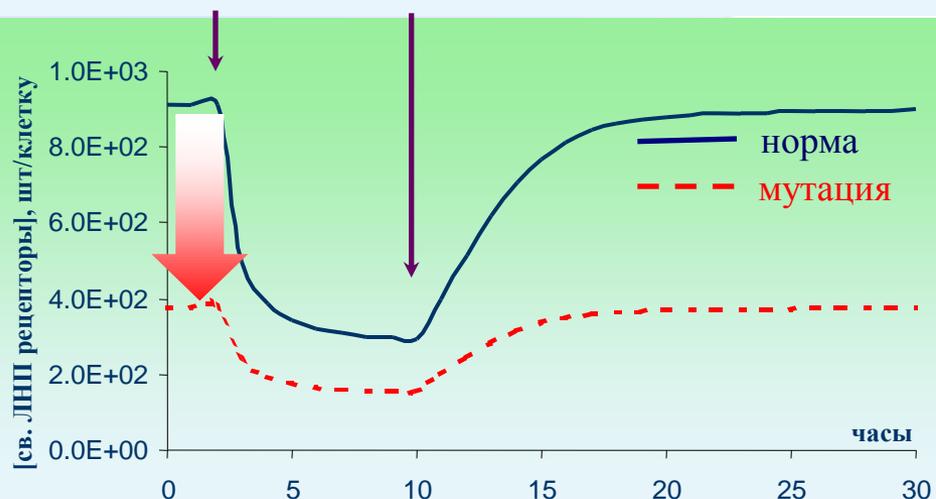
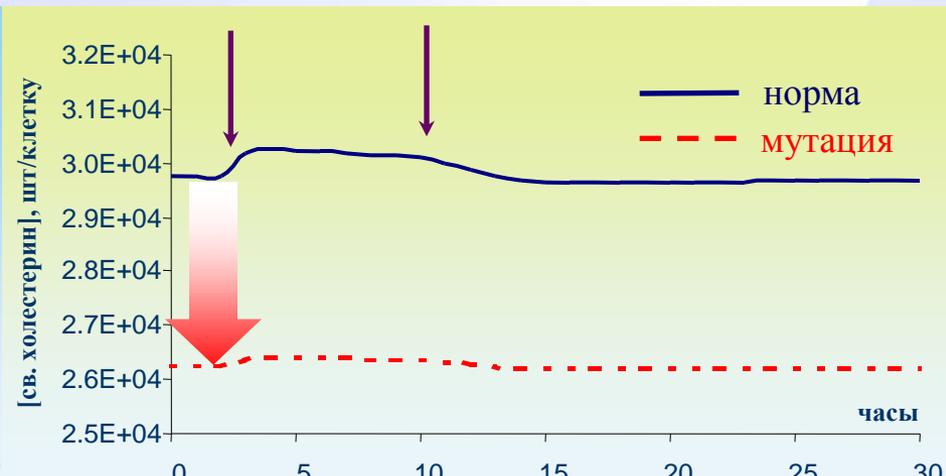
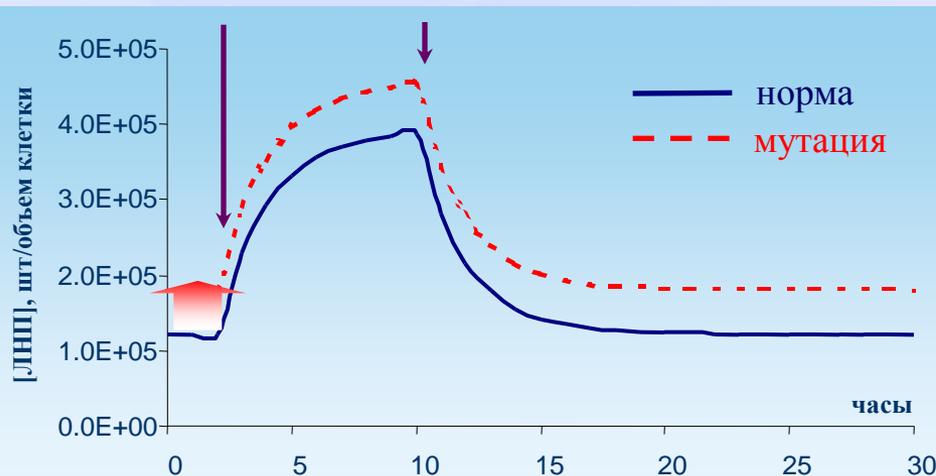
Cholesterol

Gene Network regulating intracellular cholesterol level in hepatocyte



Моделирование влияния мутаций на функцию генной сети регуляции биосинтеза холестерина в клетке

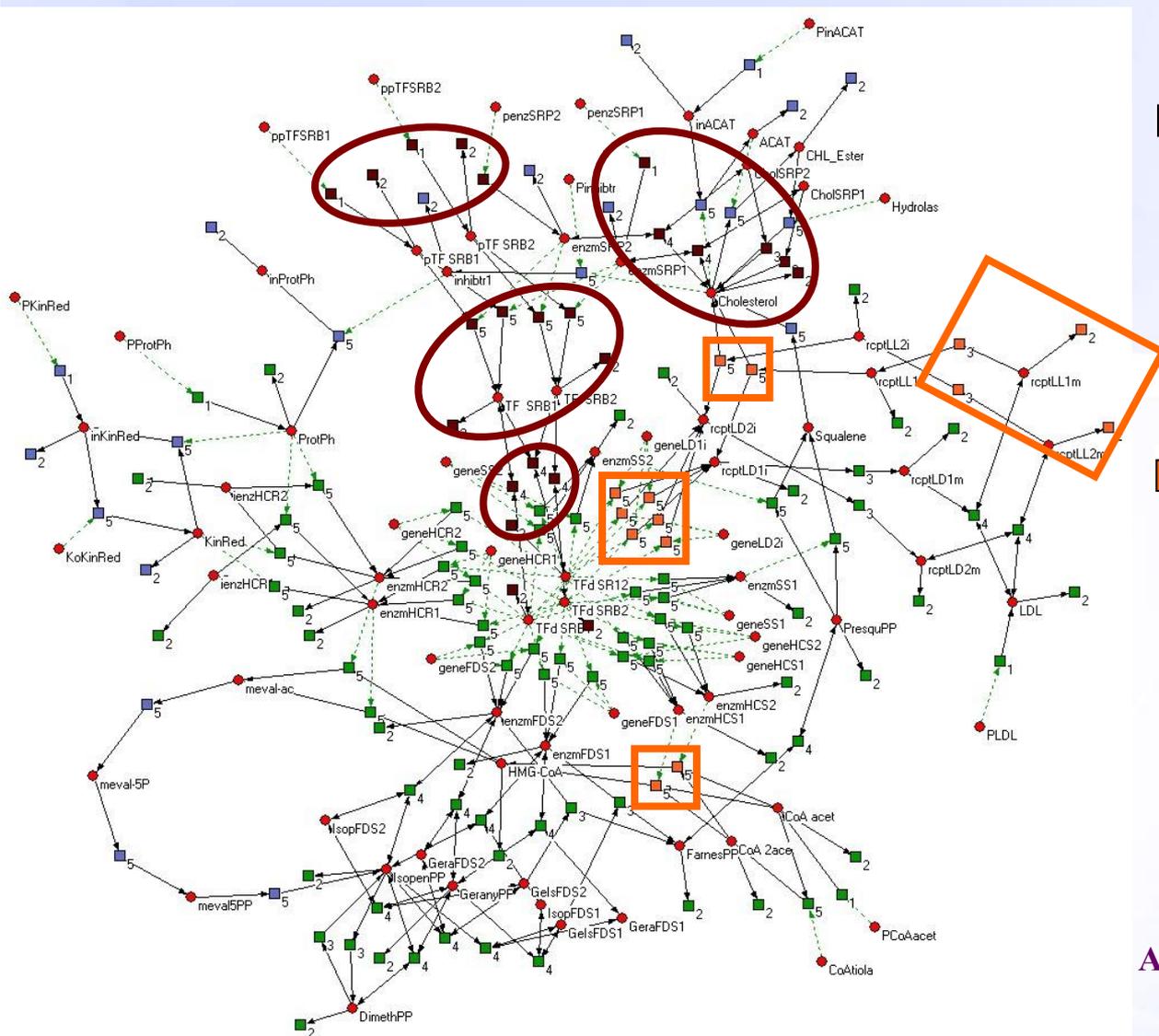
Моделирование отклика генной сети на увеличенное в 2 раза поступления ЛНП в плазму крови при мутации, уменьшающей скорость экспрессии гена ЛНП рецепторов в 2 раза





Analysis of a mutational portrait of the gene network regulating intracellular cholesterol homeostasis

Gene network with indicated sensitivities of the stationary free cholesterol content in the cell to mutational changes in parameters



Changes in the rates of these processes affect considerably the stationary cholesterol concentration, changing it from 0 to over 200% of the norm;

Changes in the stationary concentration of free cholesterol are below 35% of the norm;

**Оптимальный
фармакологический
контроль
генных сетей**

Оптимальное фармакологическое управление функцией генных сетей

(Н.А. Колчанов, ИЦиГ СО РАН)

$$\frac{d\vec{V}}{dt} = \varphi(\vec{V}, \vec{a})$$

\vec{V} – вектор переменных;
 \vec{a} – вектор параметров
($a_1, \dots, a_k, \dots, a_r$);

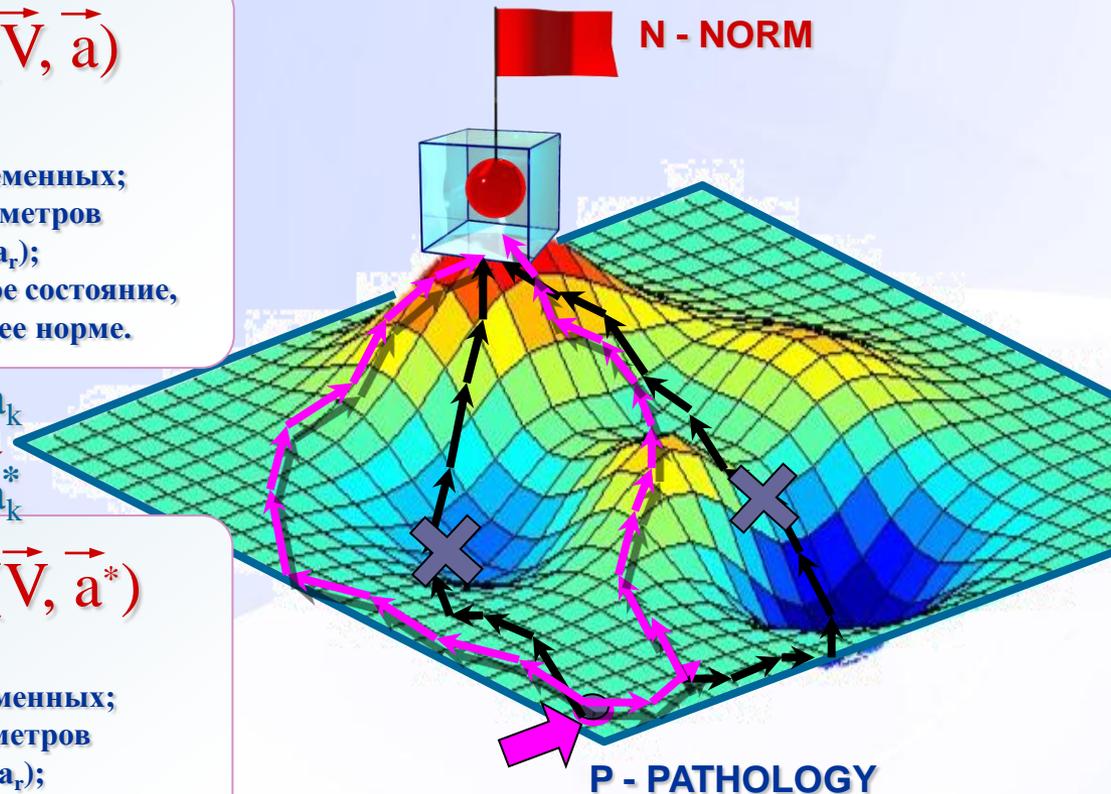
N – стационарное состояние, соответствующее норме.

a_k
 a_k^*

$$\frac{d\vec{V}}{dt} = \varphi(\vec{V}, \vec{a}^*)$$

\vec{V} – вектор переменных;
 \vec{a} – вектор параметров
($a_1, \dots, a_k^*, \dots, a_r$);

N – стационарное состояние, соответствующее патологии.



$$\frac{d\vec{V}}{dt} = \varphi(\vec{V}, \vec{a}^*, \vec{U})$$

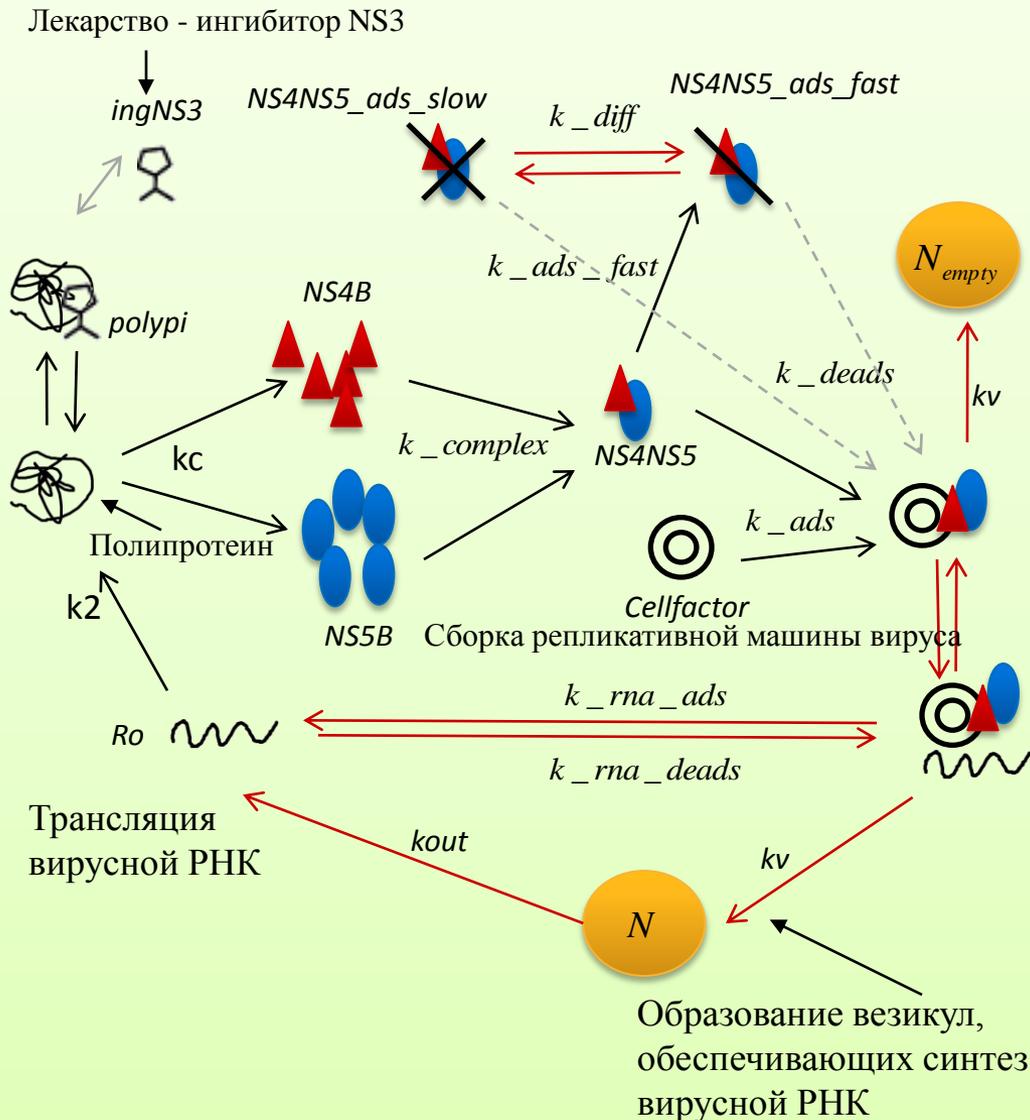
\vec{U} – оптимальный контроль, нормализующий функцию генной сети за счет сдвига стационарного состояния мутантной генной сети в окрестность нормы.

\vec{U} – класс кусочно-линейных управляющих функций, описывающих изменение вектора параметров \vec{a} в процессе фармакологического контроля)

Оптимальное управление, нормализующее критическую переменную генной сети, не должно выводить генную сеть за границы нормы по другим значимым переменным.

Математическая модель репликации репликона вируса гепатита С

(Мищенко Е.Л., Иванисенко В.А. и др. ИЦиГ СО РАН, 2011)

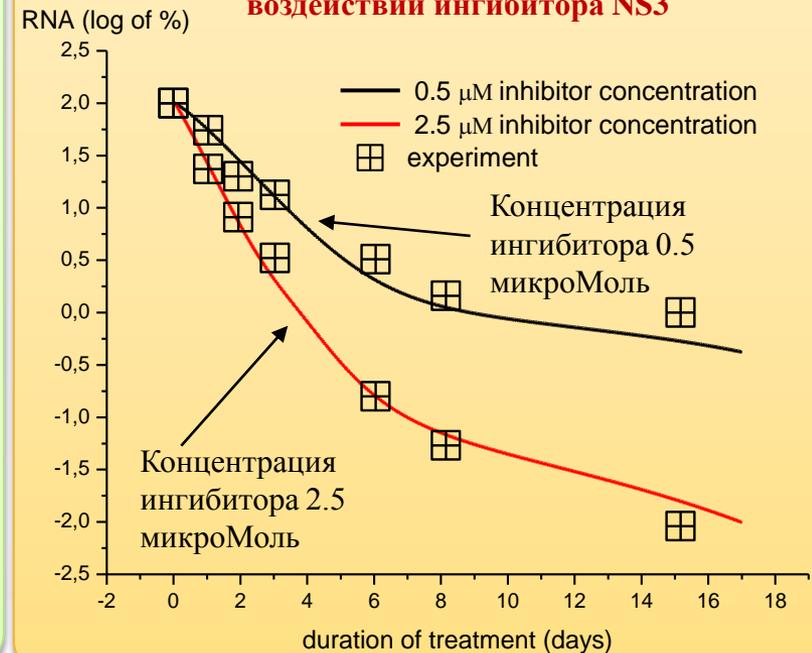


$$\frac{dNS5B}{dt} = vesNS5B \cdot k_{complex} \cdot NS4B \cdot NS5B + kc \cdot polyp - me \cdot NS5B$$

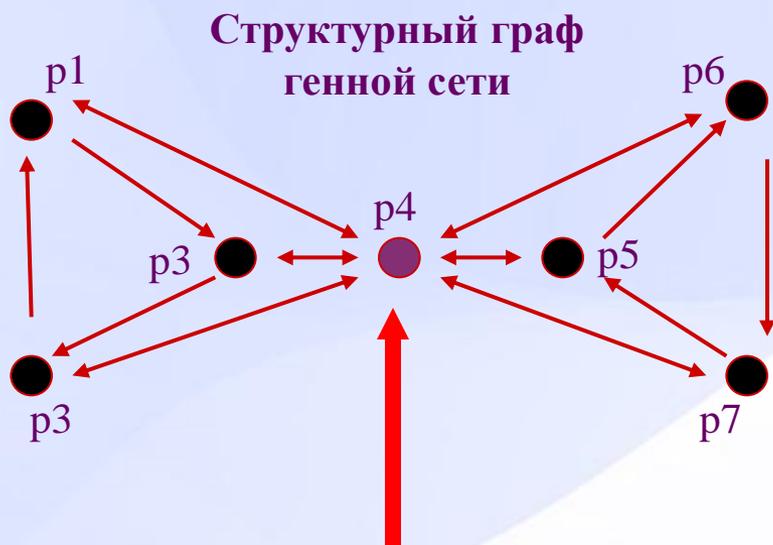
$$\frac{dN_{empty}}{dt} = kv \cdot complex - mN \cdot N_{empty}$$

$$\frac{dN}{dt} = kv \cdot complex_{work} - mN \cdot N$$

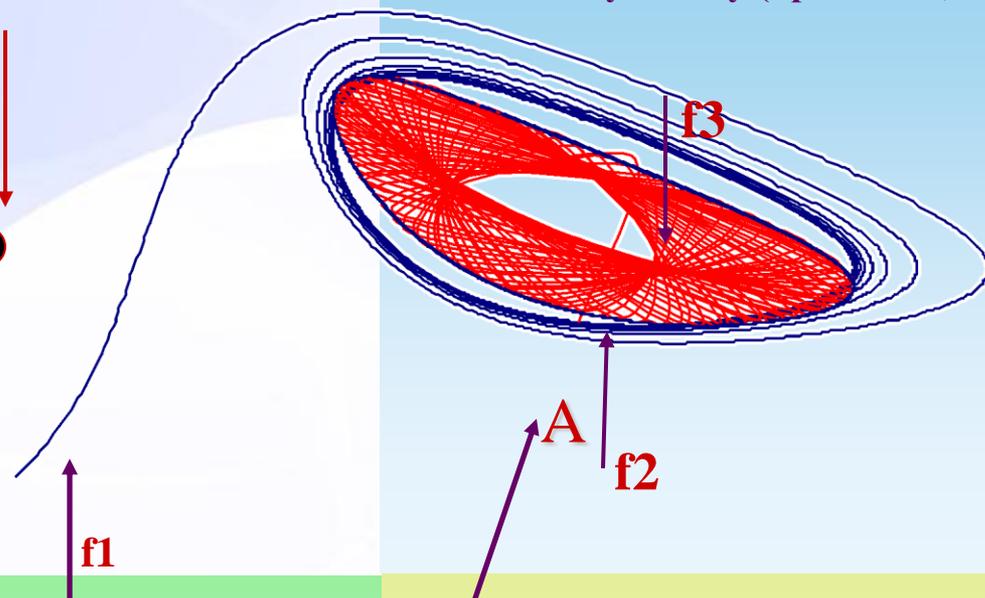
Динамика вирусной РНК при воздействии ингибитора NS3



Генная сеть из семи генетических элементов, имеющая три стабильных цикла, одно устойчивое стационарное состояние и пять неустойчивых циклов



После стимула А генная сеть притягивается к новому глобальному стабильному циклу (кривая f3).



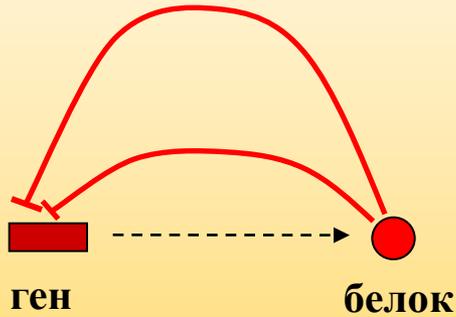
В начальный момент генная сеть (кривая f1) стартует в гиперпространстве $p1=p5, p2=p6, p3=p7$ и притягивается к устойчивому предельному циклу.

В точке А на генную сеть оказывается внешнее воздействие.

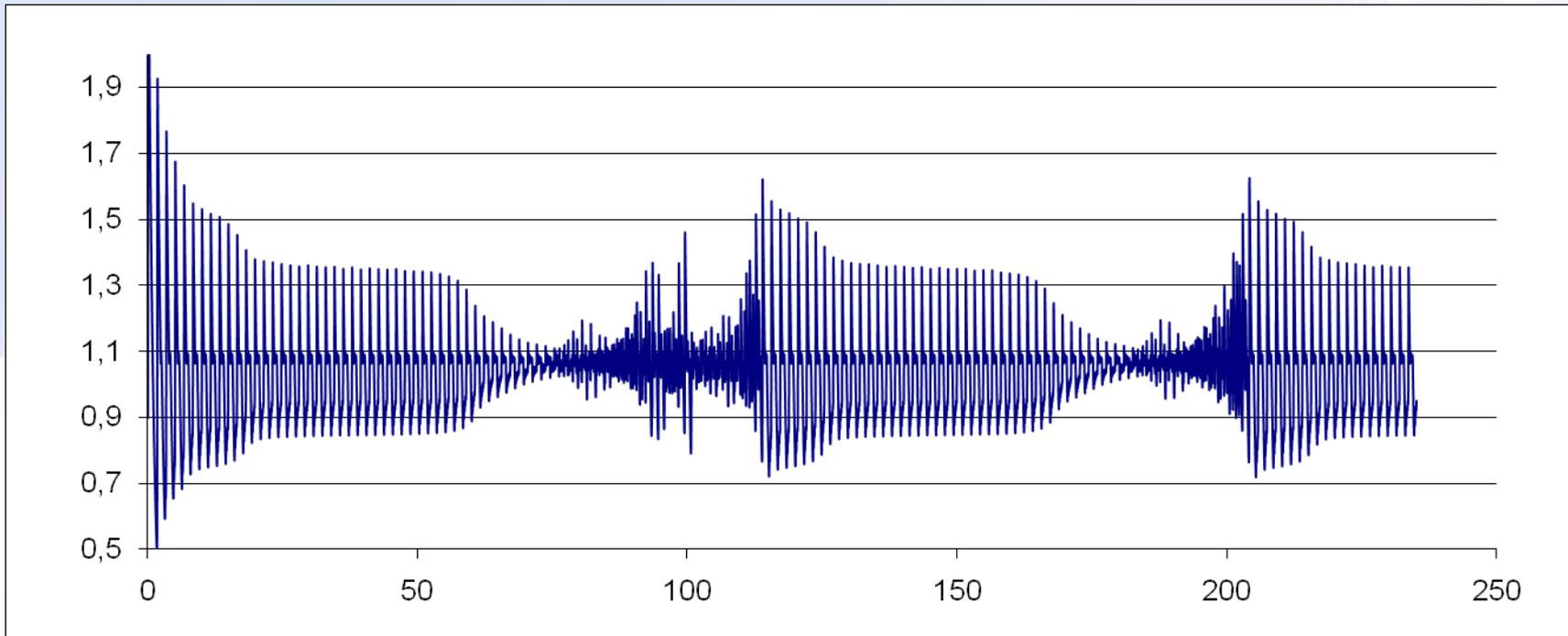
Хаотическая динамика генных сетей

Авторепрессилятор в гаплоидной геномной сети, генерирующий хаос:

две отрицательных обратных связи с различным запаздыванием, контролирующие действие одного и того же регуляторного элемента

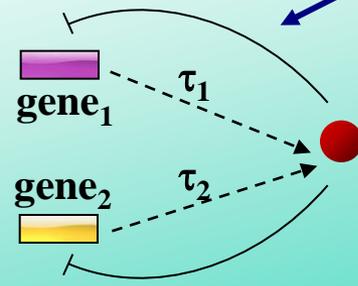
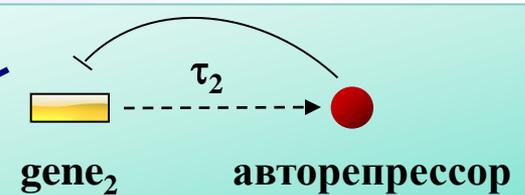
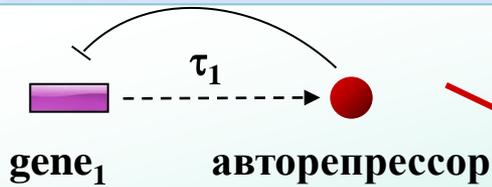


$$\frac{dx}{dt} = \frac{\alpha}{1 + x^\gamma(t - \tau_1) + x^\gamma(t - \tau_2)} - x$$



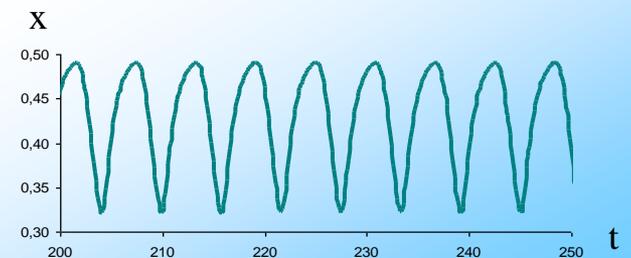
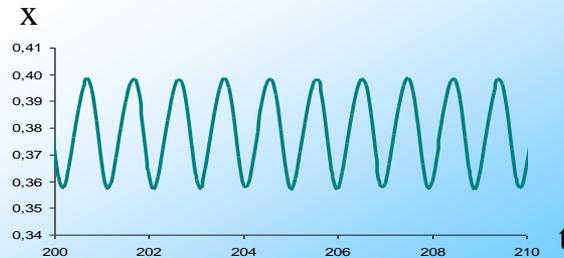
ДИПЛОИДНАЯ ГЕННАЯ СЕТЬ: наличие двух аллельных вариантов авторепрессирующего гена с различными регуляторными районами и различными временами синтеза авторепрессора может приводить к хаотичному изменению концентрации авторепрессора во времени.

В.А. Лихошвай, ИЦиГ СО РАН

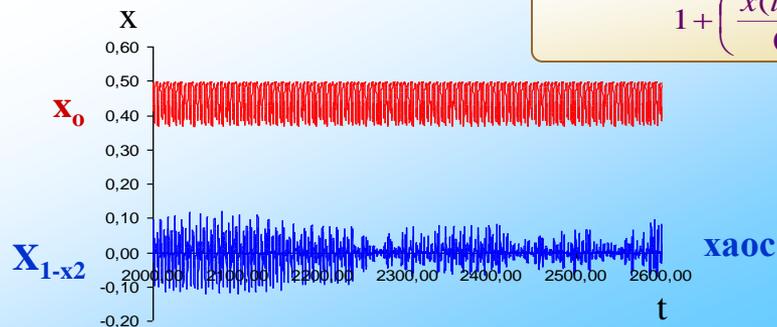


$$dx/dt = \frac{0.5}{1 + \left(\frac{x(t-0.26)}{0.396} \right)^{35}} - x$$

$$dx/dt = \frac{0.5}{1 + \left(\frac{x(t-2)}{0.491} \right)^{35}} - x$$



$$dx/dt = \frac{0.5}{1 + \left(\frac{x(t-0.26)}{0.396} \right)^{35}} + \frac{0.5}{1 + \left(\frac{x(t-2)}{0.491} \right)^{35}} - x$$



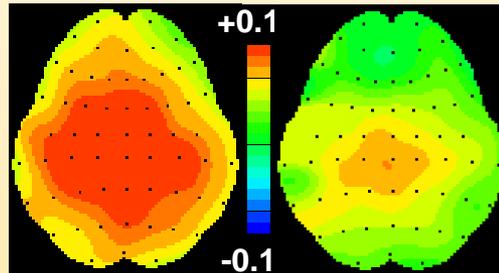
В диплоидных геномах хаос в динамике генных сетей может возникать вследствие образования гетерозигот с большими различиями в генах и их регуляции.

Нейроинформатика

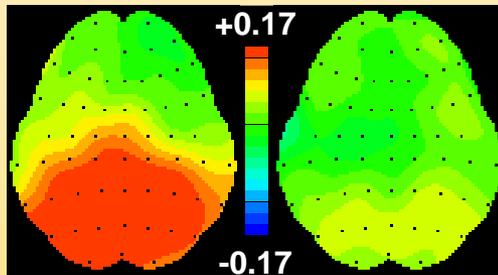
**Изменения ТЕТА-2 и бета-1 спектральной мощности при переживании
эмоции отвращения и радости
(Институт физиологии СО РАМН, Афтанас Л.И.)**

ТЕТА-2

ОТВРАЩЕНИЕ

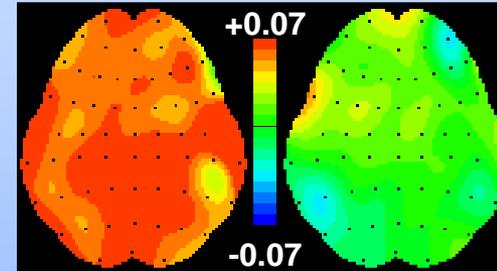
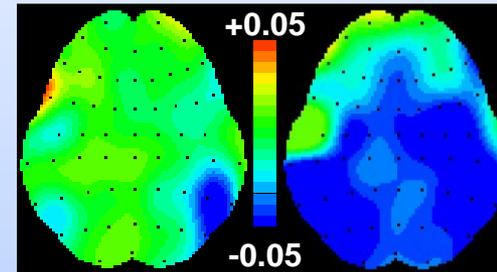


РАДОСТЬ



КОНТРОЛЬ **МЕДИТАТОРЫ**

БЕТА-1



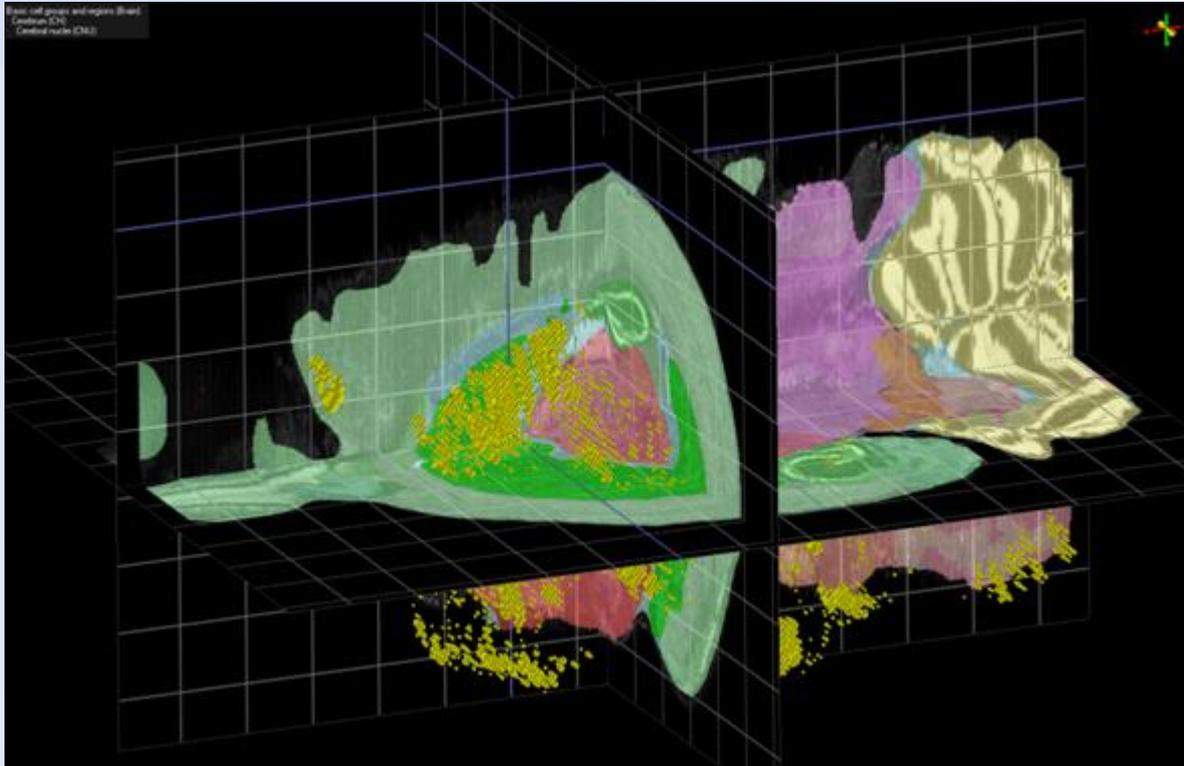
КОНТРОЛЬ **МЕДИТАТОРЫ**

- отсутствие роста тета-2- мощности позволяет предположить, что при переживании эмоций медитаторы характеризуются отсутствием расширенного когнитивного анализа аффективной информации

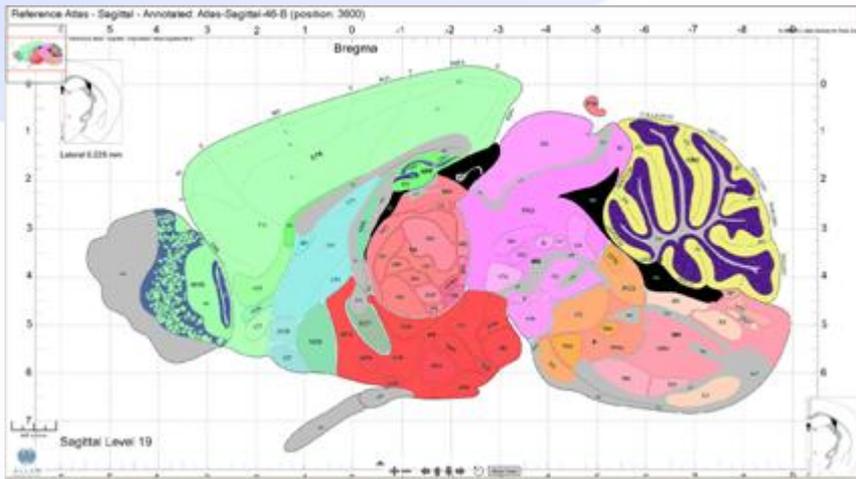
- медитаторы обладают лучшими навыками управления зрительным вниманием, и используют их с целью контроля поступления эмоциональной информации.
- стараются минимизировать захват образов, вызывающих реакцию отвращения, и игнорируют избыточную, положительную эмоциональную информацию.

База данных по экспрессии генов в мозге мыши (Allen Brain Atlas, ABA)

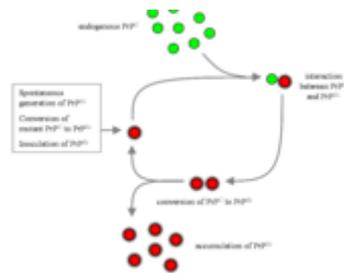
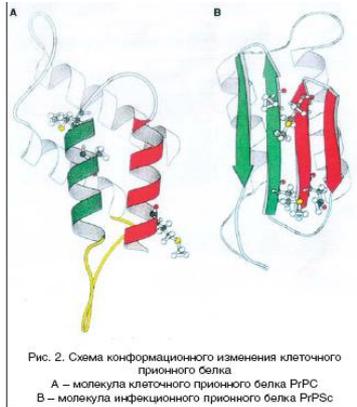
<http://www.brain-map.org/>



ABA содержит в себе кластеризованную информацию об экспрессии 20000 генов в мозге мыши линии C57Bl/6J. Она доступна в сети Интернет и позволяет искать и идентифицировать гены с похожими профилями экспрессии в 3D пространстве мозга мыши.



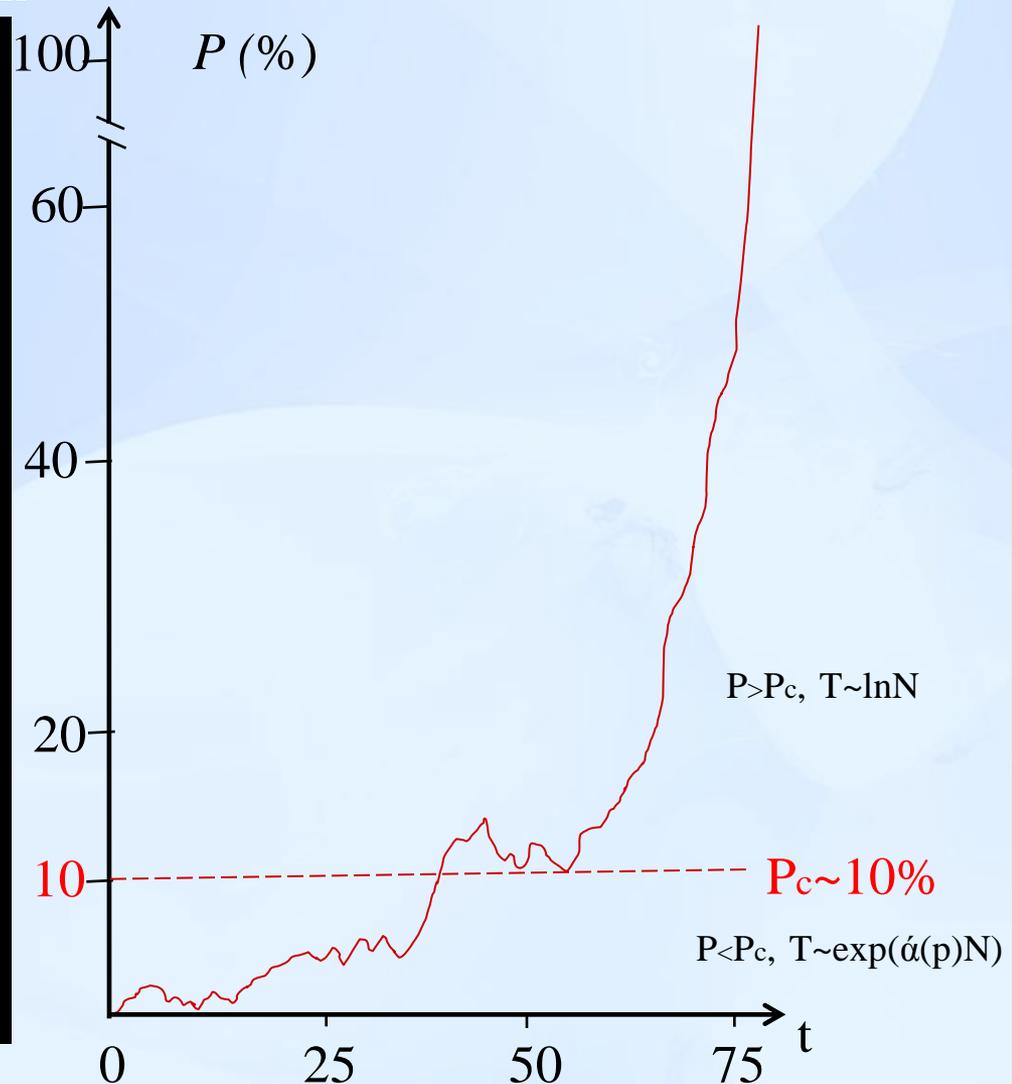
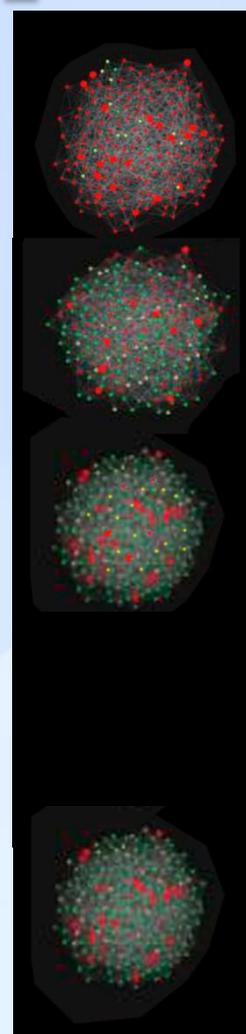
МЕДЛЕННЫЕ ИНФЕКЦИИ, ВЫЗВАННЫЕ ПРИОНАМИ



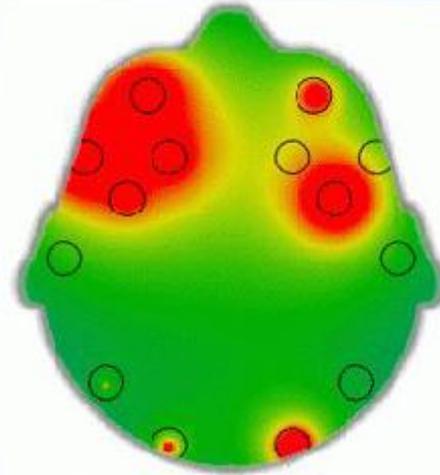
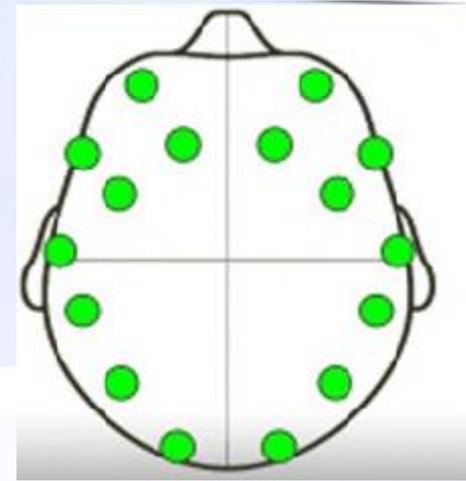
КАК ИДЕИ ОВЛАДЕВАЮТ МАССАМИ

Physical Review, 2011
Polytechnical university of
Rensseler, USA

- мнение А
- мнение Б
- оба мнения



УПРАВЛЕНИЕ АВТОМОБИЛЕМ ЧЕРЕЗ ИНТЕРФЕЙС «МОЗГ-КОМПЬЮТЕР» (Свободный университет Берлина, Германия, 2011)



МЫСЛЕННО УПРАВЛЯЕМОЕ ЭЛЕКТРОННО-МЕХАНИЧЕСКОЕ УСТРОЙСТВО ДЛЯ ИНВАЛИДОВ



Хосе дель Миллана, Федеральная политехническая школа Лозанны (EPFL)

ЭКЗОСКЕЛЕТ СОЛДАТА ПОЛЯ БОЯ

(DARPA, USA, Raytheon)



ГРАЖДАНСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ:

- 1. устройства, обеспечивающие свободу движения инвалидам;**
- 2. устройства, облегчающие трудовые процессы с большими физическими нагрузками.**

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНО-КОМПЬЮТЕРНАЯ ИНФРАСТРУКТУРА ПРОГРАММЫ СО РАН «ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА»

*Межинститутский Центр коллективного пользования «Секвенирование ДНК»
на базе ИХБиФМ СО РАН и ИЦиГ СО РАН*

ЦКП «Секвенирование ДНК» оснащён как капиллярными секвенаторами (3130XL, 3730XL), так и современными высокопроизводительными секвенаторами второго поколения –ABI SOLiD и Roche GA FLX Titanium.



**Капиллярные секвенаторы 3130XL,
работающие в ЦКП «Секвенирование ДНК»**



**Высокопроизводительный секвенатор
второго поколения SOLiD v3.5, работающий
в ЦКП «Секвенирование ДНК»**

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНО-КОМПЬЮТЕРНАЯ ИНФРАСТРУКТУРА ПРОГРАММЫ СО РАН «ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА»

*Технологический кластер «Протеомика» на базе МТЦ СО РАН
с участием ИЦиГ СО РАН и ИХБиФМ СО РАН»*

Двумерный электрофорез (2DE)



MALDI-MS/MS Ultraflex III



MALDI-MS Autoflex II



ESI Esquire6000



ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНО-КОМПЬЮТЕРНАЯ ИНФРАСТРУКТУРА ПРОГРАММЫ СО РАН «ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА»

*Межинститутский Центр коллективного пользования микроскопического
анализа биологических объектов на базе ИЦиГ СО РАН*

Световая микроскопия

<http://www.bionet.nsc.ru/microscopy>



*Лазерная сканирующая
микроскопия LSM510 META*

Arotome

Arotome

Электронная микроскопия



ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНО-КОМПЬЮТЕРНАЯ ИНФРАСТРУКТУРА ПРОГРАММЫ СО РАН «ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА»

Центр коллективного пользования SPF-виварий
ИциГ СО РАН - инфраструктура для обеспечения
исследований
в области фундаментальной биологии, биомедицины,
фармакологии, биотехнологии, нанобиобезопасности



ВЫСОКОПОЛЬНЫЙ ТОМОГРАФ.

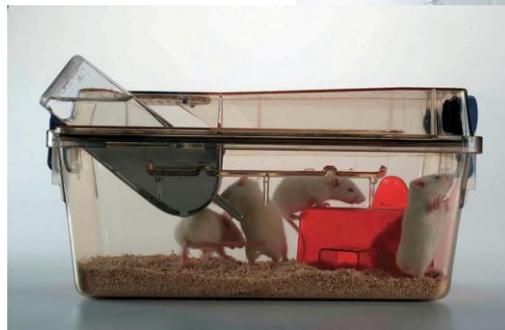
Межинститутский сектор
томографии лабораторных
животных Института цитологии
и генетики СО РАН
и Международного
томографического центра
СО РАН



Технологическое обеспечение содержания животных SPF-статуса



Стерилизация (автоклавирование) оборудования, спецодежды, кормов, подстилочных материалов и т.д., поступающих в «Комплексе чистых помещений»



Условно «грязная» зона



«Чистая зона»

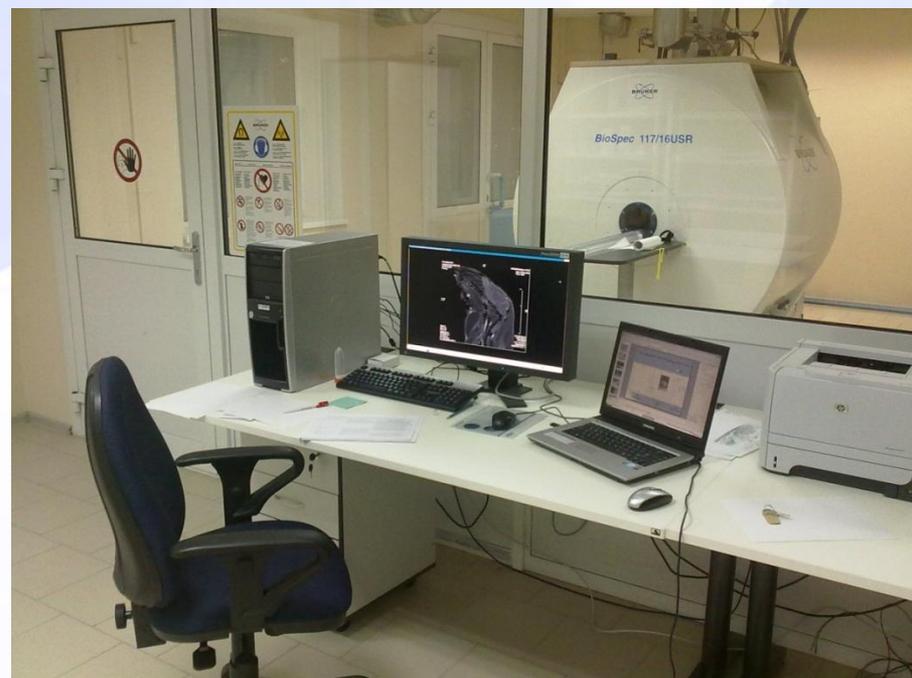


Работа в барьерной зоне



Базовые технологии содержания и разведения лабораторных животных SPF-статуса.

Межинститутский научно-исследовательский сектор томографии лабораторных животных Института цитологии и генетики СО РАН и Международного томографического центра СО РАН



Сверхвысокопольный томограф (11,7 Т) BioSpec 117/16 USR (Bruker) для прижизненного исследования экспериментальных животных, рекордный по величине магнитного поля на территории Евразии.

*Высокопроизводительный вычислительный комплекс
Программы СО РАН «Геномика, протеомика, биоинформатика»
на базе ИЦиГ СО РАН и ИВМиМГ СО РАН*



**Кластер – 16.5 ТФлопс.
Параллельная система хранения данных – 48ТБ
Файловое хранилище данных – 36ТБ.
Система резервного копирования.
Сервер баз данных, Web сервер,**



Блок питания: 96кВт

*Благодарю за
внимание!*

