14**-я Международная конференция «Биоинформатика регуляции и структуры геномов / системная биология» (Bioinformatics of Genome Regulation and Structure\Systems Biology, BGRS\SB-2024), организаторами которой выступают** Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирский государственный университет и Научный совет по биоинформатике СО РАН, проходит  **с 5 по 10 августа в г. Новосибирске.**

# **Д.ф.-м.н., Директор ИСИ СО РАН Пальянов Андрей Юрьевич принимает участие в мультиконференции, выступая на** Симпозиуме «Математические проблемы биоинформатики и системной компьютерной биологии. Анализ больших генетических данных и искусственный интеллект» с докладами в двух секциях:

* Section 12.1 "Mathematical and simulation modeling, digital twins", доклад "Computational modeling of living organisms with nervous systems: aims, achievements and perspectives» 8 августа, 11:40-12:10

Доклад сочетает обзор современных наиболее выдающихся научных достижений в области изучения и компьютерного моделирования нервных систем различных организмов, от простейших беспозвоночных до человека. Также рассмотрены основные фундаментальные проблемы, пока остающиеся нерешенными, и перспективы дальнейших исследований. Завершающая часть доклада посвящена результатам, полученным в ИСИ СО РАН, в том числе при сотрудничестве с другими научными организациями -- проектам по созданию виртуальных организмов, имитирующих строение и тела и нервной системы C. elegans и Xenopus (на ранней стадии развития), а также организма, строением тела и зрительной системы похожего на муравья, с нервной системой полученной в результате работы нейроэволюционного алгоритма.

* Section 12.3: «Systems theory, big biological data analysis, ontologies and artificial intelligence», доклад "Millions of SARS-CoV-2 genomes in the RAM of a regular PC: fast and efficient analysis of evolutionary changes" 9 августа, 12:20-12:40

Проект в области биоинформатики, нацеленный на создание программной системы для компактного, эффективного и высокопроизводительного хранения и анализа значительного количества генетических последовательностей коронавируса SARS-CoV-2 (существующего и эволюционирующего уже на протяжении 4.5 лет), ежедневно регистрируемых и секвенируемых ("считываемых" с молекулы РНК вируса в компьютерный файл) по всему миру. Более 8 миллионов последовательностей, имеющих исходный объем около 265 Гигабайт, благодаря определению и хранению лишь различий между каждой новой вирусной последовательностью и исходной, первой, полученной в конце 2019 г., удалось "упаковать" без потерь всего в 170 Мегабайт, обеспечив сжатие в 1500 раз. Такой объем данных может быть легко размещен в оперативной памяти обычного персонального компьютера и, таким образом, может быть обработан и проанализирован значительно быстрее, чем прежде. Представленный подход также может быть применён к другим вирусам и генетическим последовательностям.

**Выступления Андрея Юрьевича Пальянова можно посмотреть по ссылкам:**

**доклад «**Computational modeling of living organisms with nervous systems: aims, achievements and perspectives**», тайминг - 3:56:49** <https://bgrssb.icgbio.ru/2024/broadcast/august-8th/august-8th-3318/>

**доклад «**Millions of SARS-CoV-2 genomes in the RAM of a regular PC: fast and efficient analysis of evolutionary changes"**», тайминг – 2:08:06**

<https://bgrssb.icgbio.ru/2024/broadcast/august-9th/august-9th-3318/>