

Четверг, 3 августа	
9:00-10:00	Регистрация
10:00–11:30	Генетика
10:00	Структура генома и генетическое разнообразие инвазивного растения - борщевика Сосновского Мария Логачева <i>Сколковский институт науки и технологий</i>
10:15	Этногенетический анализ в проекте «100 000+Я» Николай Чеканов <i>ООО "Биотехнологический кампус"</i>
10:30	Влияние нарушенного общего повтора на здоровое старение на примере гаплогрупп японских долгожителей Константин Попадьин <i>Центр геномных исследований БФУ им. И.Канта</i> <i>Федеральная политехническая школа Лозанны</i>
10:45	Метод глубокого обучения для определения этноса человека в близкородственных популяциях Алексей Шмелев <i>НИУ ВШЭ</i>

11:00	Изучение генетического контроля уровней гликозилирования белков плазмы крови человека Анна Тимошук <i>Институт перспективных исследований проблем искусственного интеллекта и интеллектуальных систем Московского Государственного Университета</i>
11:15-11:45	Кофе
11:45-13:30	Клиническая генетика
11:45	О пенетрантности болезнетворных вариантов в геноме человека Василий Раменский <i>Национальный медицинский исследовательский центр терапии и профилактической медицины Минздрава</i>
12:15	Особенности биоинформатического анализа в клинической генетике Андрей Марахонов <i>Research Centre for Medical Genetics (RCMG)</i>
12:45	Через тернии к детекции CNV по экзомным данным Вероника Гордеева <i>Lopukhin FRCC PCM</i>
13:00	Роль популяционных баз данных в клиническом анализе данных NGS Дарья Хмелькова <i>ПАО «Центр Генетики и Репродуктивной Медицины «ГЕНЕТИКО»</i>
13:30-14:30	Обед
14:30-15:45	Генетика и медицина

14:30	Эффективность шкал генетического риска для оценки уровня липидов в российской популяции Мария Зайченко <i>ФГАОУ ВО Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)</i>
14:45	Атлас иммунных клеток в различных этнических группах России в норме и при сахарном диабете II типа Юлия Медведева <i>Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН</i>
15:00	Predicting donor COVID-19 status based on deep profiling of immune repertoires Elizaveta Vlasova <i>Pirogov Russian National Research Medical University</i>
15:15	Детекция химерных окнкогенов по экзонному покрытию 3'-гена партнера Elizaveta Rabushko <i>Moscow Institute of Physics and Technology (National Research University)</i>
15:30	Митохондриальные мутационные спектры: от эволюции позвоночных к онкологии и медицине Алина Михайлова <i>Центр геномных исследований БФУ им. Канта</i>
15:45-16:15	Кофе

16:15-18:00	ПОСТЕРНАЯ СЕКЦИЯ
18:00-...	Welcome party

Пятница, 4 августа	
10:00–11:30	Транскриптомика
10:00	Assessing <i>Danio rerio</i> neural crest differentiation with single cell transcriptomics at different platforms Всёволод Макеев ФГБУН "Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН Московский физико-технический институт
10:30	Сравнительная транскриптомика регенерации ушной раковины мышей <i>Acomys cahirinus</i> и BALB/c на уровне одиночных клеток Ольга Козлова Казанский Федеральный Университет
10:45	Investigation of epigenetic rejuvenation in early embryogenesis using novel single-cell DNA methylation clocks Evgeniy Efimov Skolkovo Institute of Science and Technology
11:00	Maternal serotonin levels cause transcriptional and compositional changes in offspring hypothalamus Anastasiia Gainullina Koltsov Institute of Developmental Biology

11:15	Comparison and Analysis of Transcriptomic Profiles Associated with Cellular Resistance to Genotoxic Stress Aleksei Chernykh <i>Institute of Physiology of Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Syktyvkar, Russia</i>
11:30-12:00	Кофе
12:00-13:30	Транскриптомика
12:00	Структура и посттранскрипционная регуляция эукариотических РНК Дмитрий Первушин <i>Сколковский институт науки и технологий</i>
12:30	Использование гибридного подхода для анализа сплайсинга Алексей Пенин <i>Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН</i>
12:45	Использование условных вариационных автокодировщиков и трансформеров для анализа данных scRNA-Seq Денис Антонец <i>Институт перспективных исследований проблем искусственного интеллекта и интеллектуальных систем МГУ имени М.В. Ломоносова</i>

13:00	Hobotnica as a quality measure for a differential analysis Алексей Ступников <i>Московский физико-технический институт</i>
13:15	Uniformly shaped harmonization combines human transcriptomic data from different platforms while retaining their biological properties and differential gene expression patterns Nicolas Borisov <i>PathwayRx</i>
13:30-14:30	Обед
14:30-16:00	Транскриптомика, Хроматин
14:30	Identifying conserved transcriptional dynamics across subpopulations of tumor-infiltrating T cells Evgenii Egorov <i>Lomonosov Moscow State University</i>
14:45	Анализ профилей активации молекулярных путей репарации ДНК и контроля клеточного цикла в разных типах опухолей по транскриптомным и протеомным данным Александр Модестов <i>Первый МГМУ им. И.М. Сеченова</i>

15:00	Large-scale assessment of pros and cons of autopsy-derived or tumor-matched tissues as the norms for gene expression analysis in cancers Anton Buzdin <i>World-Class Research Center "Digital biodesign and personalized healthcare", Sechenov First Moscow State Medical University, Moscow, Russia</i>
15:15	РНК-хроматиновые взаимодействия – Факты и артефакты Андрей Миронов <i>Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН</i>
15:45	Нормировка данных РНК-хроматиновых взаимодействий Анастасия Жарикова <i>Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН</i>
16:00-16:30	Кофе
16:30-18:00	Хроматин
16:30	Search for chromatin-associated RNA orthologues Lidia Garkul <i>Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University</i>

16:45	BaRDIC, a new peak calling algorithm for RNA-DNA interaction data Arina Nikolskaya <i>Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University</i>
17:00	Сравнительный анализ данных РНК-хроматиновых взаимодействий Григорий Рябых <i>Институт проблем передачи информации РАН</i>
17:15	Поиск РНК, ассоциированных с пространственными структурами хроматина Дмитрий Звездин <i>Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, факультет биоинженерии и биоинформатики</i>
17:30	Disentangling mitotic chromosomes: a two-stage mechanism Kirill Polovnikov <i>Skolkovo Institute of Science and Technology</i>
17:45	Crumpled polymer with loops as a model of chromosome folding Bogdan Slavov <i>Skolkovo Institute of Science and Technology</i>

Суббота, 5 августа	
10:00-11:30	Хроматин
10:00	Архитектура хроматина и опосредованные ей регуляторные механизмы в различных организмах и модельных системах Екатерина Храмеева <i>Сколковский институт науки и технологий</i>
10:30	Организация хроматина в нейронах коры головного мозга Илья Плетенев <i>Сколковский институт науки и технологий</i>
10:45	Analysis of chromatin conformation changes in aging neurons Dmitrii Kriukov <i>Center for Molecular and Cellular Biology, Skolkovo Institute of Science and Technology</i>
11:00	Evolutionary changes in invertebrate chromatin Anastasiia Kashtanova <i>Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Moscow State University</i>
11:15	CHiMAERa: инструмент для интерпретируемого предсказания карт Hi-C Алексей Школиков <i>Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, факультет биоинженерии и биоинформатики</i>

11:30-12:00	Кофе
12:00-13:30	Регуляция
12:00	Чем и как заполнить «карманный атлас» регуляторных вариантов в геноме человека Иван Кулаковский <i>Институт Белка РАН</i>
12:30	LegNet: a novel approach to modeling regulatory sequences with deep convolutional networks Dmitry Penzar <i>Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University</i>
12:45	Применение методов глубокого обучения к задаче предсказания связывания транскрипционных факторов с ДНК на основе данных GHT-SELEX Валерий Вяльцев <i>Факультет биоинженерии и биоинформатики Московского государственного университета имени М.В.Ломоносова</i>
13:00	Аллель-специфичная активность транскрибируемых регуляторных элементов генома человека в здоровых сердцах и больных кардиомиопатией Андрей Буян <i>Институт Белка РАН, Пущино, Россия</i>

13:15	Анализ генных регуляторных сетей одиночных клеток в поисках комбинации транскрипционных факторов для специфической клеточной дифференциации на примере поджелудочной железы Василий Соколов ИБР им. Н.К. Кольцова РАН
13:30-14:30	Обед
14:30-16:00	Регуляция, структура, эволюция
14:30	Z-flipon variants reveal the many roles of Z-DNA and Z-RNA in health and disease Мария Попцова Национальный исследовательский университет «Высшая школа экономики»
15:00	Длинные некодирующие РНК в эпигенетической регуляции Юлия Медведева Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН
15:30	Связь видовой продолжительности жизни с эволюцией гена Fbxl21 Василий Любецкий Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН

15:45	Зависимость частоты эктопической геной конверсии от взаимного расположения паралогов в мейотическом хроматине <i>Mus musculus</i> Olga Vakhrusheva <i>Skoltech</i>
16:00-16:30	Кофе
16:30-18:00	Прокариоты
16:30	Регуляция формирования биопленок и подвижности <i>Escherichia coli</i>: факторы транскрипции и некодирующие РНК Мария Тутукина <i>Сколковский институт науки и технологий</i> <i>Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН</i>
16:45	Эволюционные траектории вторичных репликонов в многокомпонентных геномах Наталия Драненко <i>Институт проблем передачи информации имени А. А. Харкевича РАН</i>
17:00	Searching for Novel Defense Systems in Prokaryotes through the Analysis of Diversity-Generating Retroelements Ilya Belalov <i>FRC Biotechnology RAS</i>

17:15	Эволюция систем рестрикции-модификации семейств RE_AIwI / N6_N4_Mtase x2 и RE_AIwI / N6_N4_Mtase Анастасия Попова <i>Московский Политехнический университет</i>
17:30	Бактериальные липоксигеназы связаны со сменой хозяев Георгий Куракин <i>РНИМУ им. Н.И. Пирогова</i>
17:45	Single-nucleotide resolution detection of Topo IV cleavage activity in the <i>E. coli</i> genome with Topo-Seq Alina Galivondzhyan <i>Skolkovo Institute of Science and Technology</i>

Воскресенье, 6 августа	
10:00-11:30	Белки
10:00	Языковые модели в изучении белков Юрий Вяткин <i>Институт перспективных исследований проблем искусственного интеллекта и интеллектуальных систем МГУ имени М.В. Ломоносова</i>
10:30	Как AlphaFold находит структуру белка: предсказывает ли он её на основе физики, или распознает по сходству последовательностей с помощью огромных баз данных? Алексей Финкельштейн <i>Институт Белка РАН</i>
11:00	Предсказание эффекта одиночных мутаций на стабильность белка по новым экспериментальным данным Дмитрий Иванков <i>Сколковский институт науки и технологий</i>
11:15	Физически и статистически обоснованный подход к составлению предикторов для машинного обучения при предсказаниях локальной и вторичной структур белка является ключевым элементом достижения высокой точности предсказаний Юрий Мильчевский <i>Институт Молекулярной Биологии РАН</i>

11:30-12:00	Кофе
12:00-13:30	Белки, методы
12:00	SiteRadar: Utilizing Graph Machine Learning for Precise Mapping of Protein–Ligand-Binding Sites Sergei Evteev <i>Enterprise Dukhov Automatics Research Institute</i>
12:15	Identification of allosteric binding sites in KRAS using structure-based deep learning Igor Kozlovskii <i>Skolkovo Institute of Science and Technology</i>
12:30	Influence of membrane lipid composition on the proton half-channels structure in FoF1-ATP synthase Leonid Ivontsin <i>Institute of Cytochemistry and Molecular Pharmacology</i>
12:45	Бенчмарки для филогенетической реконструкции по аминокислотным последовательностям и получаемые по ним результаты Сергей Спирин <i>Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова НИИ ФХБ имени А.Н.Белозерского МГУ</i>
13:15	Подводный камень итеративного Blast’a Natalya Bogatyreva <i>Институт белка РАН</i>

13:30-14:30	Обед
14:30-16:00	Методы
14:30	Problems for identification of new mammalian viruses: analysis of viromes of bats and insectivores (hedgehogs) caught in the period 2015-2022 in the territory of the Central European part of Russia Anna Speranskaya <i>Scientific Research Institute for Systems Biology and Medicine, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance</i>
14:45	Bacterial defense systems, instruments for block alignments of genomes and protein sequences Андрей Алексеевский <i>Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова</i>
15:15	Better crop made easy Мария Самсонова <i>Санкт-Петербургский государственный технологический институт (технический университет)</i>
15:45	Инструмент ARTEM для поиска третичных мотивов в пространственных структурах РНК Давид Богдан <i>МФТИ</i>
16:00-16:30	Кофе
16:30-18:00	Эволюция

16:30	Сравнительная геномика немодельных организмов Михаил Гельфанд <i>Сколковский институт науки и технологий</i> <i>Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН</i>
17:00	Detecting multiple episodes of admixture of Neanderthal into Modern humans Léo Planche <i>HSE</i>
17:15	Evolutionary epigenetic changes in ancient and modern people Daria Borodko <i>Federal Research Center "Fundamentals of Biotechnology"</i>
17:30	The PaLTEE: <i>Podospora anserina</i> Long-Term Evolution Experiment Olga A. Kudryavtseva <i>Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University</i>
17:45	Мутация Ah->Gh митохондриальной ДНК птиц ассоциирована со способностью к полету и дайвингу Юрий Гусаров <i>Центр геномных исследований БФУ им. Канта</i>
18:00-...	Farewell party

Постерная сессия:

Identification of somatic mutation hotspots in non-unique regions of the human genome

Ruslan Abasov

Skolkovo Institute of Science and Technology

Dmitry Rogachev National Medical Research Center of Pediatric Hematology, Oncology and Immunology

High-throughput computational design of protein binders for complex targets using deep learning models

Kirill Alekseev

National Research University Higher School of Economics

Исследование частот аллелей в российской популяции по данным проекта "100 000 + Я"

Иван Антонов

ООО «Биотехнологический кампус»

Выявление регулонов в субпопуляции мезенхимальных стволовых клеток с помощью Scenic с целью определения факторов противодействующих развитию фибротических процессов

Михаил Арбатский

Факультет фундаментальной медицины, МГУ имени М.В. Ломоносова

Сравнительный транскриптомный анализ трех популярных клеточных линий печени

Виктория Арзуманян

Институт биомедицинской химии

Utilization of pectins by human gut microbiota

German Ashniev

IITP RAS

HSE

**Роль компонентов сурфеактома внеклеточных
везикул в распознавании их клеткой-мишенью**

Дмитрий Баландин

ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России,

Обособленное структурное подразделение «РГНКЦ»,

Институт изучения старения

**Моделирование множественно-картированных
прочтений в анализе РНК-ДНК интерактома**

Екатерина Бердникович

Факультет Биоинженерии и Биоинформатики МГУ им.

Ломоносова

**Удаление *ixiR* приводит к увеличению
нестабильности в синтезе ключевых генов
образования биопленок**

Татьяна Бессонова

Институт биофизики клетки РАН ФИЦ ПНЦБИ РАН

**Prediction of binding affinity in protein-protein
complexes based on the analysis of their spatial
structures**

Elizaveta Bogdanova

Moscow State University

**Идентификация продуктов альтернативного
сплайсинга при болезни Альцгеймера по
протеомным данным**

Максим Бражников

ФИЦ ХФ РАН

Biomarkers study to improve Machine Learning prediction of long-term risk of myocardial infarction, stroke, and cardiac death

Konstantin Burkin
HSE University

BarSeq analysis of yeast knockout collection infected by selfish mitochondrial DNA

Артем Бурлака
МГУ им. Ломоносова

Robust morphogenesis via chemical reactors

Sergey Vakulenko
Saint Petersburg Electrotechnical University LETI

Identification of semi-extractable and nuclear matrix-associated transcripts

Anna Valyaeva
Lomonosov Moscow State University

Deep learning for predicting the impact of single-nucleotide variants on transcription factor binding using *in vitro* experimental data

Anton Vlasov
Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia

Программный комплекс для предсказания функциональных элементов генома методами глубинного обучения с использованием омиксных данных

Артем Войтецкий
НИУ ВШЭ, Международная лаборатория Биоинформатики

Метагеномный анализ ксилобионтных грибов и бактерий в валежных стволах лиственных и хвойных деревьев разной степени разложения после массового ветровала в полидоминантном широколиственном лесу

Сергей Волобуев

Ботанический институт им. В.Л.Комарова РАН

Проект функциональной аннотации генома сониполчка: первые взгляды на регуляцию зимней спячки в скелетных мышцах

Гузель Газизова

Казанский федеральный университет

IQMMA: эффективное определение интенсивностей пептидных сигналов в спектрах MS1 с использованием нескольких алгоритмов поиска пептидных кластеров

Лейла Гарибова

ИНЭПХФ им. В.Л. Тальрозе ФИЦ ХФ РАН, Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)

Методы предсказания гаплогруппы и оценки контаминации на основе моделей правдоподобия генотипов

Никита Гаянов

Международная лаборатория статистической и вычислительной геномики Национальный исследовательский университет «Высшая школа экономики»

Association of Z-RNA with QTL variants

Daliia Gilmanova

HSE University

Enhancing super-enhancers (SEs): SEs concept and prospectives

Marina Gladkova

Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University

Through the thorns to CNV detection from exome data

Veronika Gordeeva

Lopukhin FRCC PCM

Веб-приложение для анализа аннотаций геномов прокариот методами многомерной статистики и машинного обучения

Daria Gutnik

Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry SB RAS

AlphaMol: AlphaFold-like model for prediction of small molecules ground-states

Georgy Derevyanko

Skolkovo Institute of Science and Technology

Масс-спектрометрическое *de novo* секвенирование для идентификации пост-транскрипционных и пост-трансляционных модификаций, ассоциированных с патогенезом болезни Альцгеймера

Дарья Емекеева

ИНЭП ХФ РАН им. В.Л. Тальрозе, Москва, Россия

**Dissecting NBAS Protein Function using AlphaFold
- Structural Insights of Rare Short Stature, Optic
Nerve Atrophy, and Pelger-Huet Anomaly (SOPH)
Syndrome**

Leonid Zhozhikov

Ammosov North-Eastern Federal University in Yakutsk

**Topologically Associating Domains and Loops in
Human Neurons**

Diana Zagirova

Skolkovo Institute of Science and Technology

**Анализ генетической вариабельности
онкопротеинов E6/E7 в последовательностях
вируса папилломы человека 16 типа,
выделенных в разных регионах мира**

Екатерина Зеленова

ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов»

**Deep learning for predicting the effect of mRNA
untranslated regions on gene expression measured
in parallel reporter assays**

Arsenii Zinkevich

Lomonosov Moscow State University

**Distinct traits of structural and regulatory
evolutional conservation of human genes in main
cancer signaling cascades**

Marianna Zolotovskaia

*I.M. Sechenov First Moscow State Medical University,
Moscow, Russia*

OncoBoxPD: коллекция 51672 молекулярных путей человека с возможностью количественной оценки изменений экспрессии

Марианна Золотовская

*Московский физико-технический институт
(государственный университет)*

SCENIC pipeline as annotator of non-model organisms cell types

Vasiliy Zubarev

Skolkovo Institute of Science and Technology

MetaFX: извлечение признаков для сравнительного анализа полногеномных метагеномных данных

Artem Ivanov

ITMO University

NF-RNA-Chrom pipeline for universal processing of RNA-chromatin interaction data

Ivan Ilitskiy

*Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov
Moscow State University*

Free-living bacteria and intracellular parasites: the comparison of defense systems

Roman Irioglov

Moscow State University

Анализ бактериального метапротеома методом ультрабыстрой хроматомасс-спектрометрии

Елизавета Казакова

*Московский физико-технический институт
(национальный исследовательский университет),
Институт энергетических проблем химической физики
им В.Л.Тальрозе*

Реконструкция истории циркуляции и популяционной динамики вируса гепатита Е в Российской Федерации

Анастасия Карлсен

*ФБУН Центральный НИИ Эпидемиологии
Роспотребнадзора*

Small group classification model, validation and reproducibility

Dmitriy Karpenko

National Research Center for Hematology, Moscow

DEAr - tool for differential expressions analysis

Dmitriy Karpenko

National Research Center for Hematology, Moscow

Regulatory potential of RELN gene polymorphisms in the context of schizophrenia

Nataliia Karpova

Institute of General Pathology and Pathophysiology

Исследование и разработка пайплайна для анализа дифференциальной экспрессии

Евгений Карпулевич

ИСП РАН

Оценка возможности изучения дифференциальной экспрессии генов на основе *de novo* сборки транскриптомов

Александра Касьянова

Сколковский институт науки и технологий

Биоинформатический поиск новых CRISPR-ассоциированных белков с помощью глубоких нейронных сетей

Богдан Кириллов

Сколковский институт науки и технологий

Rare classes of restriction-modification systems

Alina Kirpichenko

A.N. Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology

Deletions cascade and intracellular selection of mtDNAs in yeast

Dmitry Knorre

*Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology,
Lomonosov Moscow State University*

Анализ данных полногеномного секвенирования клеток CHO 4BGD с гомозиготными нокаутами генов BAK1, BAX, DHFR, GLUL

Денис Колесов

*Институт биоинженерии им. К.Г. Скрябина, ФИЦ
Биотехнологии РАН*

Relationship Between Transcription Factor Binding Regions and Open Chromatin Regions in Human Based on GTRD Data

Semyon Kolmykov

Sirius University of Science and Technology

Исследование пространственного строения комплексов G-квадруплекс-порфирина и альбумин-порфирин методами ЭПР и молекулярного моделирования

Михаил Колоколов

МТЦ СО РАН

Консервативные Z-флипоны и ассоциированные с ними омиксные факторы, в геномах мыши и человека.

Дмитрий Коновалов

НИУ Высшая Школа Экономики

ContactHunter: поиск значимых взаимодействий для заданных геномных локусов на основе данных Hi-C

Anna Kononkova

Skoltech

IITP RAS

Анализ ландшафта посттрансляционных модификаций в головном мозге пациентов с болезнью Альцгеймера

Анна Копейкина

ИНЭПХФ им. В.Л. Тальрозе ФИЦ ХФ РАН

Различия мутационного спектра мтДНК термитных и не-термитных тараканов ассоциированы с продолжительностью жизни

Анастасия Кошель

Центр геномных исследований БФУ им. Канта

Genome Track Colocalization Analyzer - новый метод полногеномного анализа колокализаций распределенных по геному генетических и эпигенетических признаков

Галина Кравацкая

Институт Молекулярной Биологии РАН

**Разработка биоинформатических пайплайнов
для анализа грибных сообществ**

Данил Кривонос

ФБУН НИИ СБМ Роспотребнадзора

**Оценка влияния молекулярного окружения на
эффективность Ферстеровского резонансного
переноса энергии при помощи молекулярной
динамики флуоресцентных меток**

Nikolay Kristovskiy

Moscow State University of Lomonosov

**Стрессовый фактор, способный очистить
популяцию *Cyprinus carpio* L. от груза
слабовредных мутаций**

Александр Кузьмин

Центр геномных исследований БФУ им. И.Канта

**Система процессинга, хранения и анализа
результатов NGS-анализа**

Nikolay Kulemin

Lopukhin FRCC PCM FMBA

**Ультрабыстрая хроматомасс-спектрометрия в
протеомике растений: молекулярные изменения
в проростках озимой пшеницы в ответ на
внешний стимул**

Томирис Кусаинова

ИНЭПХФ им. В.Л. Тальрозе ФИЦ ХФ РАН

МФИ

**Определение механизма действия
противораковых препаратов с помощью single-
cell анализа на основе высокопроизводительной
микроскопии**

Тимофей Лебедев

Институт молекулярной биологии им. В.А.

Энгельгардта РАН

**Оптимальная аппроксимация функции
пангеномного генного спектра**

Татьяна Лёвина

НИУ ВШЭ

ИППИ РАН им. А. А. Харкевича

**Создание конструкций для направленного
эпигенетического редактирования с помощью
белков системы CRISPR-Cas9**

Maria Leonova

Federal Research Centre «Fundamentals of Biotechnology»,

Russian Academy of Science, Moscow, Russian Federation

Изучение А-АТФ-синтаз в геномах прокариот

Анна Литвин

Сколковский институт науки и технологий

**От экологии к митохондриальной генетике
нематод: колонизаторы по сравнению с
персистерами содержат больше тимина из-за
более быстрых молекулярных часов**

Валерия Лобанова

Центр геномных исследований, БФУ им. И. Канта

Classification technique for restriction-modification systems and its application to systems with endonucleases of the AlwI family

Olga Makarikova

Faculty of Bioengineering and Bioinformatics Lomonosov MSU

Роль CTD-2587H24.5 в эпигенетической регуляции человека

Дарья Маракулина

Московский физико-технический институт, Долгопрудный

Bioinformatic analysis of high-throughput sequencing data: a view from the perspective of clinical genetics

Andrey Marakhonov

Research Centre for Medical Genetics (RCMG)

Bioinformatics screening of human proteases for ability of activating SARS-CoV-2 spike protein

Evgenii Matveev

Skolkovo Institute of Science and Technology

A.A. Kharkevich Institute for Information Transmission Problems

Создание архитектуры нейронной сети для предсказания связывания транскрипционных факторов с олигонуклеотидами, полученными из экспериментов SMiLE-seq

София Машкова

Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова

Generalization of negative binomial distribution for identification of allele-specific gene regulation in high-throughput sequencing experiments

Georgy Meshcheryakov

Institute of Protein Research, Russian Academy of Sciences

Double system/single box method for calculation of thermostability of charge-changing mutations

Mariya Minkevich

Skolkovo Institute of Science and Technology

A Model of Monolayer-Monolayer Fusion

Mariya Minkevich

Skolkovo Institute of Science and Technology

Разработка часов старения на основе новых аллельных полиморфизмов

Ярослав Мироненко

*ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России,
Обособленное структурное подразделение «Российский геронтологический научно-клинический центр»*

Comparative research of onion mitochondrial genomes

Vladislav Mityukov

Skolkovo Institute of Science and Technology

Analysis of Cell Interactions between Tumour and Microenvironment

Anastasia Mikhailova

International Laboratory of Bioinformatics, HSE University

An Approach to Functional Analysis of Repetitive Genomic Regions

Pavel Nikitin

Lomonosov Moscow State University

A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution RAS

Estimating Leishmania nuclear and mitochondrial genome evolution rates at the level of point mutations

Tatiana Novozhilova

Lomonosov Moscow State University

Cold diffusion for rational promoter design with a deep learning model

Elizaveta Noskova

Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University

Transcriptome Dynamics of Insect Metamorphosis

Aleksandra Ozerova

Skoltech

Выявление потенциальных механизмов вовлеченности микробиоты в ответ на иммунотерапию меланомы при помощи метагеномного анализа

Евгений Олехнович

ФГБУ ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России

Detection of non-coding variants in regulatory elements in patients with early atherosclerosis based on whole genome sequencing data

Galina Okhrimenko

Laboratory of Bioinformatics, Big Data and Information Retrieval School, Faculty of Computer Science, Higher School of Economics

Unsupervised domain adaptation methods for cross-species transfer of regulatory code signals

Fedor Pavlov

HSE University

Консервативные последовательности, образующие G-квадруплекс, в промоторах TERT млекопитающих и их влияние на частоту мутаций

Вера Панова

Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, факультет биоинженерии и биоинформатики

Оценка биоинформатических методов и программ для поиска вирусов на примере образцов метатранскриптома летучих мышей

Леонид Пенкин

Научно-исследовательский институт системной биологии и медицины (НИИ СБМ)

Полигенная оценка риска с помощью моделей глубинного обучения

Владислав Перелыгин

НИУ "Высшая школа экономики"

Оптимизация пайплайна и применение прочтений Nanopore для анализа генома человека

Дмитрий Пустошилов

ООО «Биотехнологический кампус»

Разработка однодоменного антитела против SARS-CoV-2 на основе анализа его структуры

Elena Rukhlova

*State Research Center of Virology and Biotechnology
"Vector"*

Multiple forms of a local regulator YihW from *Escherichia coli*

Anna Rybina

Skolkovo Institute of Science and Technology

Универсальный протокол анализа данных РНК-хроматиновых взаимодействий

Иван Ильнитский

*Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ им.
М.В. Ломоносова*

Identification Of Key Regulatory Mechanisms Of Cellular Identity Of Rat Hypothalamic Astrocytes In The Model Of Domestication And Aggression

Marat Sabirov

Koltzov Institute of Developmental Biology RAS

JetGene – a web resource for creation and analysis of highly specific datasets of nucleotide sequences

Nataliya Sadovskaya

Timiryazev Institute of Plant Physiology of RAS

Классификация прокариотических ДНК-метилтрансфераз по сходству последовательностей

Мария Самохина

МГУ

Оценка скрытой наследуемости, объясняемой генами: вклад редких вариантов

Gulnara Svishcheva

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS

Каталитический и SAM-связывающий мотивы прокаритических ДНК-метилтрансфераз

Игорь Селифонов

Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова

Evolution of *Picocyanobacteria*: genome reduction, mobile elements and other evolutionary characteristics

Ariadna Semenova

Moscow State University

Функциональная аннотация генома сахарной свёклы методами сравнительной геномики

Людмила Скаковская

МФТИ (НИУ)

ИОГен им. Вавилова РАН

ORFаны в митохондриальном геноме морских полихет *Polydora* и *Vocardiella*

Денис Скворцов

Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ им. М.В. Ломоносова

Потенциальные сайты связывания фактора упаковки хроматина CTCF в генах, участвующих в высшей нервной деятельности, у крупного рогатого скота (*Bos taurus*) и бизона (*Bison bison*)

Ольга Скобель

Научно-исследовательский институт пушного звероводства и кролиководства имени В.А.Афанасьева

The rocky road to aerobic and anaerobic prokaryotes mutational spectra reconstruction and analysis

Alexey Skudnov

Center for Mitochondrial Functional Genomics, Immanuel Kant Baltic Federal University

Chromosome-level assembly of the *Ganoderma lucidum* fungus genome using Hi-C highlights its polysaccharide biosynthesis potential

Ignat Sonets

Institute of Gene Biology, Russian Academy of Sciences

Перспективы реализации эффективных эвристических алгоритмов из эволюционных вычислений в экспериментах по направленной эволюции РНК: тесты *in silico*

Alexander Spirov

I. M. Sechenov Institute of Evolutionary Physiology and Biochemistry

Характеристика фармакогеномных вариантов в смешанной когорте московского региона на основе данных полногеномного секвенирования

Юлия Суворова

ООО «Биотехнологический кампус»

Study of microbial community of underground spring of Baksan Neutrino Observatory

Kirill Tarasov

Joint Institute for Nuclear Research

Идентификация внутриклеточных процессов, регулируемых лекарственным воздействием в данных ультракороткого температурного полнопротеомного профилирования

Иван Федоров

Институт энергетических проблем химической физики им. В.Л. Тальрозе

Tool for searching and annotating genetic variants located in uORFs and lead-ing to hereditary diseases

Alexandra Filatova

Research Centre for Medical Genetics

Распространенность систем рестрикции-модификации с двумя метилтрансферазами и роль двух метилтрансфераз

Анастасия Фокина

МГУ

Phenotype profiling of the gut microbiome at Type 1 diabetes in young age children

Maria Frolova

Institute of Cell Biophysyscs RAS

Ретронная мсДНК служит основным источником спейсером для наивной CRISPR-адаптации в системе I-E *E. coli*

Тимофей Хвостиков

Сколковский институт науки и технологий

Подбор оптимальной гетерологической системы экспрессии для GPCR, ассоциированного с патогенезом заболеваний репродуктивной системы

Андрей Хныкин

*Московский Физико-технический институт
(национальный исследовательский университет)*

Глубинное обучение для выявления ассоциаций между функциональными геномными элементами

Алена Цветкова

Международная лаборатория биоинформатики, НИУ ВШЭ

ScRNA-seq analysis of B-cell lymphoma microenvironment, infected with HSV-1

Maria Cherniaeva

International Laboratory of Bioinformatics, the National Research university Higher school of Economics

Hypothalamic neurons in type I diabetes at a single-cell resolution

Evgeniia Chikina

Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences

Иммуногенетический профиль потенциальных доноров Национального регистра доноров костного мозга имени Васи Перевощикова г. Москвы

Елена Шагимарданова

Научный центр Регуляторная геномика, Институт фундаментальной медицины и биологии, Казанский (Приволжский) федеральный университет

Position Weight Matrices in the GTRD database

Ruslan Sharipov

Federal Research Center for Information and Computational Technologies, Novosibirsk

Drug Metabolism by the Human Gut Microbiome

Alla Shevchenko

Skolkovo Institute of Science and Technology

Исследование генетического разнообразия вируса клещевого энцефалита в эндемичных регионах Российской Федерации и странах ближнего зарубежья

Лейля Шигапова

Казанский Федеральный Университет

Inferring admixture parameters from Admixture Proportions

Mikhail Shishkin

HSE University

Применение подходов машинного обучения для оценки рисков развития метаболических заболеваний на основе данных о составе микробиома кишечника

Анастасия Щербакова

Университет ИТМО

АО "Новобиом"

Генотипирование цитохромов р450 для анализа метаболизма клинически значимых препаратов

Антон Эсибов

ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России

Fresh view on genetic trait architecture

Liliia Iulmetova

Lopukhin FRCC PCM