

ЦЕНТР КОЛЛЕКТИВНОГО ПОЛЬЗОВАНИЯ СО РАН
«БИОИНФОРМАТИКА»

ПРОГРАММА

официального открытия Центра коллективного пользования (ЦКП) «Биоинформатика»

Новосибирск, 11 мая 2011 г., Малый зал Дома Ученых СО РАН.

10:00 – 10:30

Приветственные слова.

10:30 – 12:00

Доклады:

1. Академик **Колчанов Н.А.**, Подколотный Н.Л. «ЦКП «БИОИНФОРМАТИКА»: цели, задачи и первые результаты».
2. Академик Михайленко Б.Г., Глинский Б.М. «Высокопроизводительные вычисления в СО РАН».

12:00 – 12:30

Стендовая сессия.

12:30 – 13:30

Обед.

13:30 – 14:00

Экскурсия на Высокопроизводительный вычислительный комплекс.

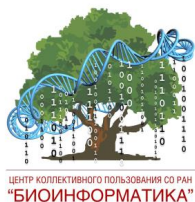
Сбор желающих в холле ИВМиМГ СО РАН (пр. Ак. Лаврентьева, 6) в 13:30.

ОРГАНИЗАТОРЫ:



СПОНСОРЫ:





ПРОГРАММА Стендовой сессии

12:00 – 12:30, Малый зал Дома Ученых СО РАН

- **Пинтус С.С.(1), Петрова И.(2), Рукин К.(2)** Роль экзонных полиморфизмов генов **НО-синтаз** в реализации «**атопического марша**». 1) Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 2) Сибирский государственный медицинский университет, Томск.
- **Пинтус С.С., Иванисенко В.А.** Исследование медицински значимых мутаций белка **P53** методом молекулярной динамики. (ИЦиГ СО РАН).
- **В.М.Ефимов, А.В.Катохин, Ю.Л.Орлов.** Многомерное шкалирование для мультиплатформенной обработки микрочиповых экспрессионных данных. (ИЦиГ СО РАН).
- **Ю.Л.Орлов, Ю.Г. Матушкин, В.Г.Левицкий.** Анализ сайтов связывания транскрипционных факторов и нуклеосомной упаковки в геноме эукариот. (ИЦиГ СО РАН).
- **В.Г. Левицкий, Д.Ю. Ощепков.** Задача уточнения предсказания сайтов связывания транскрипционных факторов по данным **ChIP-Seq**. (ИЦиГ СО РАН)
- **Казанцев Ф.В.(1), Миронова В.В.(1), Новоселова Е.С.(1), Омельянчук Н.А. (1), Лихошвай В.А.(1,2).** Высокопроизводительные вычисления в задаче моделирования развития растительных тканей и органов. 1) Институт цитологии и генетики СО РАН; 2) Новосибирский Государственный Университет.
- **И. Титов (1,2), В. Сапожников (2), А. Казанцев (2), А. Блинов (2), А. Куликов (2), И. Степаненко (1).** Исследование структуры и динамики генных сетей в рамках синхронной булевой модели на примере сети ответа на стресс *E.Coli*. 1) Институт Цитологии и Генетики СО РАН, Новосибирск 2) Новосибирский Государственный Университет, Новосибирск.
- **Akberdin I.R. (1), Kazantsev F.V. (1), Ree M.T. (1), Ree N.A. (1), Timonov V.S. (1,2,3), Nasonov V.V. (3), Oshchepkova E.A. (1), Ratushny A.V. (4), Khlebodarova T.M. (1), Kolchanov N.A. (1,2), Likhoshvai V.A. (1,2).** **MGSmodelsDB – a new database of mathematical models of Escherichia coli cell subsystems.** 1 - Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia; 2 - Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia; 3 - Siberian State University of Telecommunications and Information Sciences, Novosibirsk, Russia; 4 - Institute for Systems Biology, Seattle, USA
- **Н.А. Алемасов, Э.С. Фомин.** Молекулярная динамика на современных параллельных платформах. (ИЦиГ СО РАН)
- **О.В.Вишне夫斯基.** Выявление вырожденных олигонуклеотидных мотивов в регуляторных районах генов **миРНК**. (ИЦиГ СО РАН)
- **Кулаковский И.В. (1) Касьянов А.С. (2), Макеев В.Ю. (2).** Алгоритмические проблемы анализа данных **ChIP-seq**. 1) ИМБ, 2) ИОГен.

ОРГАНИЗАТОРЫ:



СПОНСОРЫ:





ЦЕНТР КОЛЛЕКТИВНОГО ПОЛЬЗОВАНИЯ СО РАН
"БИОИНФОРМАТИКА"

ПРОГРАММА

научной сессии Рабочего совещания «Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике»

Новосибирск, 11 мая 2011, Конференц-зал Института Вычислительной Математики и
Математической Геофизики СО РАН (пр. Ак. Лаврентьева, 6)

14:00 – 16:00 – Доклады

Секция 1. «Геномика»

- Орлов Ю.Л. (ИЦиГ СО РАН) «Интегративный анализ полногеномных последовательностей».
- Мордвинов В.А., Афонников Д.А. (ИЦиГ СО РАН) «Экспериментально-компьютерный подход полногеномного секвенирования возбудителя описторхоза *Opistorchis felineus*».

Секция 2. «Структурная биология»

- Иванисенко В.А., Деменков П.С., Пинтус С.С. (ИЦиГ СО РАН) «Компьютерная протеомика: от метагенома к метапротеому».
- Фомин Э.С. (ИЦиГ СО РАН) «Развитие методов молекулярной динамики и их применение для решения задач биоинформатики».
- Попов А.В., Воробьев Ю.Н. (ИХБФМ СО РАН, Новосибирск) «Параллельное моделирование молекул и их комплексов методом молекулярной динамики».

Секция 3. «Системная биология»

- Лихошвай В.А. «Компьютерное моделирование динамики генных сетей».
- Николаев С.В., Зубаирова У.С., Голушко С.К., Юрченко А.В., Пененко А.В., Колчанов Н.А. (ИЦиГ СО РАН, ИВМиМГ СО РАН, КТИ ВТ СО РАН, ИВТ СО РАН) «Реалистичное клеточно-ориентированное моделирование процессов роста и развития биологической ткани».

16:00 – 16:20 – Кофе-брейк

16:20 – 18:30 – Доклады

Секция 4. «Эволюционная биология»

- Афонников Д.А. (ИЦиГ СО РАН) «Изучение адаптации микроорганизмов к высоким давлениям методами биоинформатики: анализ эволюции и компьютерное моделирование».
- Гунбин К.В., Афонников Д.А. (ИЦиГ СО РАН) «Полногеномный анализ режимов эволюции ортологичных групп белков позвоночных и беспозвоночных».
- Лашин С.А., Суслов В.В., Матушкин Ю.Г. (ИЦиГ СО РАН) «Эволюционный конструктор и компьютерное моделирование эволюции прокариотических популяций».

Секция 5. «Астробиология»

- Снытников В.Н., Кукшева Э.А., Стадниченко О.А., Стояновская О.П. (ИК СО РАН) «Суперкомпьютерные вычисления в проблемах химической допланетной эволюции и астрокатализа».

Приглашенные доклады. «Алгоритмы параллельных вычислений»

- Ульянов М.В. (Кафедра прикладной математики и моделирования систем МГУП имени Ивана Фёдорова) «Оценка качества алгоритмов на основе показателя информационной чувствительности».
- Макеев В.Ю. (ИОГен), Касьянов А.С. (ИМБ) «Алгоритмические проблемы сборки фрагментов генома секвенированных с помощью технологии 454»

ОРГАНИЗАТОРЫ:



СПОНСОРЫ:

