



## ПРОГРАММА

### III Всероссийской конференции «Высокопроизводительное секвенирование в геномике»

19 – 24 июня 2022 г.  
Новосибирск,  
Морской проспект 23,  
малый зал Дома Ученых СО РАН

19 июня (воскресение)

16:00	Начало регистрации
17:00	<b>Открытие конференции</b>
17:15	<b>Сергиев Петр, чл.-корр. РАН</b> (НИИ Физико-химической биологии имени А.Н.Белозерского МГУ). <i>Toe-Seq: анализ сиквенса-специфичности антибиотиков, ингибирующих трансляцию</i>

20 июня (понедельник)

### Секция “Геномика растений”

*Модератор Мария Логачева (Сколковский институт науки и технологий)*

9:30	<b>Дмитрий Афонников</b> (Институт цитологии и генетики СО РАН). <i>Reconstruction and analysis of pangenome of Siberian cultivars of potato <i>Solanum tuberosum</i></i>
9:55	<b>Екатерина Дворянинова</b> (Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН). <i>На пути к созданию пангенома льна</i>

10:20	<b>Алексей Пенин</b> (Институт проблем передачи информации РАН). <i>Опыт сборки геномов полиплоидных организмов на примере тетраплоида <i>Capsella bursa-pastoris</i>.</i>
10:45	Кофе-брейк
11:10	<b>Мария Логачева</b> (Сколковский институт науки и технологий). <i>Genome and transcriptome of an invasive plant species <i>Heracleum sosnowskyi</i></i>
11:35	<b>Любовь Повхова</b> (Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН). <i>Методы идентификации ключевых полиморфизмов генов <i>FAD3A</i> и <i>FAD3B</i>, ответственных за содержание линолевой и линоленовой жирных кислот в льняном масле</i>
12:00	<b>Алексей Пенин</b> (Институт проблем передачи информации РАН, Skygen). <i>Опыт секвенирования полноразмерной кДНК с использованием реактивов версии Q20+ на платформе Oxford Nanopore.</i>

### **Секция “Белок-НК, НК-НК взаимодействия и трансляция”**

*Модератор Алексей Белогуров (Институт биоорганической химии РАН)*

12:25	<b>Сергей Дмитриев</b> (НИИ Физико-химической биологии имени А.Н.Белозерского МГУ). <i>Белок-кодирующий потенциал повторяющихся элементов генома человека</i>
12:50	<b>Алексей Малыгин</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Exploiting next generation sequencing in studies of gene expression disorders caused by a cellular deficiency of ribosomal proteins or mutations in them</i>
13:15	<u>Общее фото (крыльцо Дома Ученых)</u>
13:20	Обед
14:30	<b>Светлана Олейникова</b> (Диаэм). <i>Применение системы капиллярного гель-электрофореза Qser в оценке образцов нуклеиновых кислот для подготовки NGS-библиотек</i>
14:45	<b>Алексей Белогуров</b> (Институт биоорганической химии РАН). <i>Дискретность модуляции амплитуды сигнала протеасомной деградации</i>
15:10	<b>Анастасия Матвеева</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Редактирование интронов с помощью CRISPR/Cas9 и последующий транскриптомный анализ как инструмент для функциональных исследований</i>
15:35	<b>Мария Зверева</b> (Химический факультет МГУ). <i>Селекция нового аптамера к SARS-CoV-2 с помощью нанопорного секвенирования</i>

16:00	<b>Александра Кузнецова</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Сиквенс-специфичность безматричного синтеза нуклеотидтрансферазой человека</i>
16:25	Кофе-брейк Постерная сессия (доклады на последней странице).

**21 июня (вторник)**

**Секция “NGS методы и анализ данных”**

*Модератор Нариман Баттулин (Институт цитологии и генетики СО РАН)*

9:30	<b>Михаил Садовский</b> (Институт вычислительного моделирования СО РАН). <i>Таксономическое положение бактерий коррелирует с триплетным составом их генов 16S РНК</i>
9:55	<b>Нариман Баттулин</b> (Институт цитологии и генетики СО РАН). <i>ДНК-баркодированные сенсоры для исследования механизмов интеграции трансгенов в геном</i>
10:20	<b>Михаил Фофанов</b> (Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН). <i>Application of hi-c genome scaffolding to improve cytogenetic chromosome maps and detect genomic rearrangements</i>
10:45	Кофе-брейк
11:10	<b>Андрей Кечин</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Опыт применения технологии секвенирования Oxford Nanopore для выявления герминальных мутаций</i>
11:35	<b>Кристина Яковлева</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Разработка химических подходов к снижению уровня ошибочности в составе синтетических олигонуклеотидов для сборки генных конструкций</i>
12:00	<b>Евгений Вржещ, Анастасия Капуста</b> (MGI, Helicon). <i>Платформы NGS-секвенирования DNBSEQ™ - технология и преимущества метода</i>

**Секция “Геномика прокариот и вирусов”**

*Модератор Марсель Кабилов (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН)*

12:15	<b>Андрей Шадрин</b> (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов РАН). <i>Определение механизма упаковки ДНК и концов хромосомы бактериофагов с использованием методов NGS и RAGE</i>
-------	--

12:40	<b>Илья Кандинов</b> (Институт молекулярной биологии РАН). <i>Полногеномный анализ <i>Neisseria gonorrhoeae</i> и устойчивость к антимикробным препаратам</i>
13:05	Обед
14:30	<b>Ольга Шишкина</b> (Институт цитологии и генетики СО РАН). <i>Сравнительный геномный анализ штаммов <i>Wolbachia pipientis</i>, различающихся по влиянию на стрессоустойчивость <i>Drosophila melanogaster</i></i>
14:55	<b>Маргарита Баранова</b> (Институт биоорганической химии РАН). <i>Использование технологий глубокого функционального профилирования микробиома для исследования биоразнообразия пробиотических штаммов <i>Bacillus</i></i>
15:20	<b>Валерий Кадуцкий</b> (Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН). <i>Новые штаммы прокариот, обладающие метанотрофной активностью</i>
15:45	Кофе-брейк

22 июня (среда)

### Секция “Метагеномика”

Модератор *Марсель Кабилов* (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН)

9:30	<b>Марсель Кабилов</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>По ту сторону метабаркодинга: проблемы и перспективы</i>
9:55	<b>Андрей Брюханов</b> (Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова). <i>Филогенетический состав сообществ сульфатредуцирующих микроорганизмов в донных отложениях Баренцева моря на основе анализа данных высокопроизводительного секвенирования фрагментов гена 16S рРНК</i>
10:20	<b>Анна Децура</b> (Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН). <i>Метагеномный анализ как инструмент оценки активности и структуры сообществ метаногенных архей в донных отложениях реки Енисей</i>
10:45	Кофе-брейк
11:10	<b>Елена Минчева</b> (Лимнологический институт СО РАН). <i>Метабаркодинг сообществ низших грибов, ассоциированных с водорослями оз. Байкал</i>
11:35	<b>Наталья Наумова</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Микробиом аэрозолей приземного и нижнего слоев тропосферы</i>

12:00	<b>Григорий Гладков</b> (ВНИИ Сельскохозяйственной Микробиологии). <i>Использование различных подходов высокопроизводительного секвенирования при анализе минимальных целлюлозолитических микробных сообществ</i>
12:25	<b>Мария Пахарукова</b> (Институт цитологии и генетики СО РАН). <i>Трехсторонние отношения эпидемиологически значимых трематод: описторхиды, микробиота и клетки хозяина</i>
12:50	<b>Ольга Воронина</b> (НИЦ эпидемиологии и микробиологии им. Н.Ф. Гамалеи Минздрава). <i>The impact of CFTR modulator therapy on the restoration of the normal lung microbiome</i>
13:15	Обед
14:30	<b>Ольга Поленогова</b> (Институт систематики и экологии животных СО РАН). <i>Метагеномика бактериальных сообществ колорадского жука: влияние бактерий на развитие патогенов и токсикозов</i>
14:55	<b>Мария Старчевская</b> (ГНЦ вирусологии и биотехнологии «Вектор»). <i>Метагеномный анализ вирома <i>Leptinotarsa decemlineata</i></i>
15:20	<b>Вадим Крюков</b> (Институт систематики и экологии животных СО РАН). <i>Взаимосвязь структуры микробиома почв картофельных полей с уровнем фунгистазиса</i>
15:45	<b>Светлана Олейникова</b> (Диаэм). <i>Реактивы для молекулярной биологии – новые и хорошо знакомые</i>
16:00	Кофе-брейк Постерная сессия (доклады на последней стр.)

23 июня (четверг)

### Секция “Геномика животных”

Модератор Владимир Трифонов (Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН)

9:30	<b>Светлана Романенко</b> (Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН). <i>Хромосомные перестройки в эволюции генома нильского крокодила (<i>Crocodylus niloticus</i>, <i>Crocodylidae</i>, <i>Reptilia</i>)</i>
9:55	<b>Ася Давидьян</b> (Санкт-Петербургский государственный университет). <i>Геномная организация 5S рРНК генов у позвоночных животных</i>
10:20	<b>Александр Демин</b> (Санкт-Петербургский государственный университет). <i>Организация межгенного спейсера рибосомной днк (IGS) у птиц</i>

10:45	Кофе-брейк
11:10	<b>Ольга Козлова</b> (Казанский федеральный университет). <i>Транскриптомика уха регенерирующих иглистых мышей <i>Acomys Sahirinus</i> на уровне единичных клеток</i>
11:35	<b>Татьяна Бикчурин</b> (Новосибирский государственный университет). <i>Поиск дифференциально экспрессирующихся генов, ассоциированных с гибридной стерильностью у полевок <i>Microtus rossiaemeridionalis</i> и <i>Microtus mystacinus</i></i>
12:00	<b>Мария Тихонова</b> (НИИ нейронаук и медицины). <i>Модуляция экспрессии генов, связанных с нейровоспалением, аутофагией и нейродегенерацией, в мозге у мышей, вызванная центральным введением амилоида-бета</i>

### **Секция “Медицинская геномика”**

*Модератор Евгений Денисов (НИИ онкологии Томского НИМЦ)*

12:25	<b>Александр Осадчук</b> (Институт цитологии и генетики СО РАН). <i>Генетическая диссекция сперматогенеза в мультиэтнических российских популяциях на основе полноэкзомных технологий</i>
12:50	<b>Яков Ломакин</b> (Институт биоорганической химии РАН). <i>Аутоиммунная нейродегенерация вызывает смещение репертуара в-клеточных рецепторов</i>
13:15	<u>Общее фото (крыльцо Дома Ученых)</u>
13:20	Обед
14:30	<b>Ирина Ишина</b> (Институт биоорганической химии РАН). <i>Поиск новых аутоантигенов, связывающихся с главным комплексом гистосовместимости второго класса человека при аутоиммунных патологиях</i>
14:55	<b>Максим Козин</b> (НМИЦ кардиологии им. ак. Е.И. Чазова). <i>Различия в экспрессии генов в мононуклеарных клетках крови при радиологически изолированном синдроме и рассеянном склерозе по данным транскриптомного профилирования</i>
15:20	<b>Иван Киселев</b> (НМИЦ кардиологии им. ак. Е.И. Чазова). <i>В поисках генов-модификаторов гипертрофической кардиомиопатии: данные профилирования транскриптома и полногеномного анализа метилирования ДНК</i>
15:45	<b>Елена Колегова</b> (НИИ онкологии Томского НИМЦ). <i>Особенности мутационного ландшафта рака полости рта у молодых пациентов</i>
16:10	Кофе-брейк

24 июня (пятница)

### Секция “Медицинская геномика”

Модератор Евгений Денисов (НИИ онкологии Томского НИМЦ)

9:30	<b>Антон Кутихин</b> (НИИ комплексных проблем сердечно-сосудистых заболеваний). <i>Дифференциальная регуляция транскрипционных факторов KLF2 и KLF4 в колони-еформирующих эндотелиальных клетках и эндотелиальных клетках коронарной артерии человека</i>
9:55	<b>Александра Захаренко</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Изменение экспрессии генов в клетках HEK293A дикого типа и нокаутных по белкам <i>tdp1</i> и <i>parp1</i> под действием противоопухолевых препаратов</i>
10:20	<b>Максим Меняйло</b> (НИИ онкологии Томского НИМЦ). <i>Гетерогенность циркулирующих эпителиальных клеток при раке молочной железы: идентификация опухолевых и гибридных клеток</i>
10:45	Кофе-брейк
11:10	<b>Анна Хозяинова</b> (НИИ онкологии Томский НИМЦ). <i>Мутационный профиль немелкоклеточного рака легкого с высоким риском метастазирования и рецидивирования</i>
11:35	<b>Евгений Журавлев</b> (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). <i>Высокопроизводительное секвенирование для изучения малых ядрышковых РНК в клетках аденокарциномы легких человека A549 в условиях заражения вирусом гриппа А</i>
12:00	<b>Наталья Стефанова</b> (Институт цитологии и генетики СО РАН). <i>Изменения транскриптомов коры мозга и гиппокампа крыс OXYS в ранний постнатальный период как предпосылка развития признаков болезни Альцгеймера</i>
12:25	<b>Заккрытие конференции</b>

### Постерные доклады

- Евгения Бондар (Сибирский федеральный университет). Annotation of Siberian larch reference genome, the only seasonal senescence genus in Pinaceae
- Антон Большаков (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). Получение и использование транспозазы Tn5 для приготовления NGS библиотек.
- Елизавета Золотенкова (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). The role of hydroxylation of the human ribosomal protein uL15 in the regulation of gene expression at the level of translation
- Алена Колобова (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). Knockdown of ribosomal protein e138 in mammalian cells leads to a substantial reorganization of genomic transcription and changes in the translational efficiency of specific genes

- Евгения Колосова (ГНЦ ВБ «Вектор»). Анализ результатов фагового дисплея на платформе Ion
- Анна Молякко (Институт вычислительного моделирования СО РАН). Новый метод сравнения генетических последовательностей, не использующий идею выравнивания
- Михаил Помазной (ООО «Новые Программные Системы»). Программное обеспечение для интерпретации генетических вариантов NGS Wizard
- Елизавета Шатунова (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). Селекция аптамеров к белку Dkk-1 из ДНК-библиотеки с неравномерной случайной областью
- Анатолий Шлихт (Дальневосточный Федеральный Университет). Единая геном-центрированная высокоструктурированная модель для анализа и интерпретации омиксных данных.
- Tian Y. (Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН). Transcriptome changes caused by mutations in the RPS20 gene associated with a predisposition to hereditary non-polyposis colorectal carcinoma
- Мария Хренова (Химический факультет МГУ). Нанопорное секвенирование и анализ данных бактериальных геномов
- Александра Козлова (ВНИИ Сельскохозяйственной Микробиологии). Джамбо-фаг *Sinorhizobium meliloti*
- Татьяна Крыцына (Новосибирский государственный аграрный университет). Изучение стратегий выживания бактерий *Bacillus Thuringiensis* в организме чувствительного и резистентного хозяина
- Андрей Шадрин (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов РАН). Плазмидные профаги *Bacillus cereus* могут быть источником богатого разнообразия фагов
- София Пипия (Институт биоорганической химии РАН). Гетерологическая продукция антимикробных пептидов в метилотрофных дрожжах *Pichia pastoris*
- Петр Евсеев (Институт биоорганической химии РАН). Профаговые области в геномах *Curtobacterium* spp. и *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*: геномика и белки, разрушающие клеточную стенку
- Екатерина Писарева (Дальневосточный Федеральный Университет). Метагеномный анализ бактериальных сообществ поверхностных вод из прибрежных акваторий Приморского края
- Наталья Наумова (Институт почвоведения и агрохимии СО РАН). Бактериобиом в корнях растений томата при выращивании в открытом грунте
- Наталья Наумова (Институт почвоведения и агрохимии СО РАН). Микобиом в корнях растений томата при выращивании в открытом грунте
- Юлия Серазетдинова (Кемеровский государственный университет). Метагеномный анализ техногенно нарушенных почв
- Александра Заушинцева (Кемеровский государственный университет). Состав и структура архей в биопрепарате «ТОР-органик»
- Екатерина Каманова (ГНЦ ВБ «Вектор»). Метагеномный анализ геномных и транскриптомных данных насекомых семейства Simuliidae и Ceratopogonidae
- Алексей Мошкин (ГНЦ ВБ «Вектор»). Исследование биоаэрозолей на территории РФ
- Гузель Давлетшина (Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН). Секвенирование полных митохондриальных геномов белуг из археологических раскопок Поволжья
- Катерина Тишакова (Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН). Идентификация предковых синтенных блоков и половых хромосом у йеменского хамелеона (*Chamaeleo calytratus*, Iguania, Reptilia)
- Матвей Цыганов (Томский национальный исследовательский медицинский центр РАН). Мутации гена PALB2 в опухоли молочной железы: связь с эффективностью неоадьювантной химиотерапии и прогнозом заболевания
- Виктория Арзумян (Институт биомедицинской химии им В.Н. Ореховича). Оценка гетерогенности транскриптомов печеночных клеточных линий
- Марина Патышева (НИИ онкологии Томский НИМЦ). Транскриптомный профиль моноцитов периферической крови при раке молочной железы человека в динамике проведения предоперационной химиотерапии
- Алина Савкова (Федеральный Исследовательский Центр Фундаментальной и Трансляционной Медицины). Анализ герминальных мутаций у пациентов с первично-множественными злокачественными новообразованиями в комбинации рак молочной железы и/или яичников
- Алия Зарипова (Институт биохимии и генетики УФИЦ РАН). Применение технологии секвенирования следующего поколения для поиска патогенных мутаций у пациентов с незавершенным остеогенезом
- Екатерина Трифонова (НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ). Паттерны альтернативного сплайсинга в децидуальных клетках плаценты при физиологической беременности