ЛЕТНЯЯ ШКОЛА ПО БИОИНФОРМАТИКЕ 2015

Институт биоинформатики

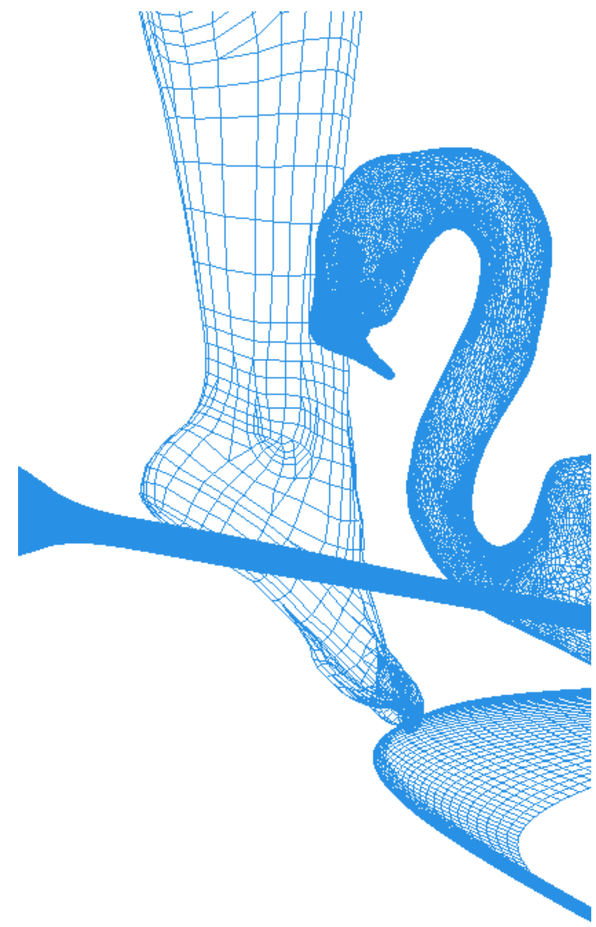
Санкт-Петербургский Академический университет РАН

Московский государственный университет

ДАТЬ АКТУАЛЬНЫЕ ЗНАНИЯ, ПОПУЛЯРИЗОВАТЬ БИОИНФОРМАТИКУ, СОЗДАТЬ СООБЩЕСТВО

ЗАДАЧИ ШКОЛЫ

Популяризация наиболее перспективных областей биоинформатики среди студентов и молодых ученых из России и ближайшего зарубежья

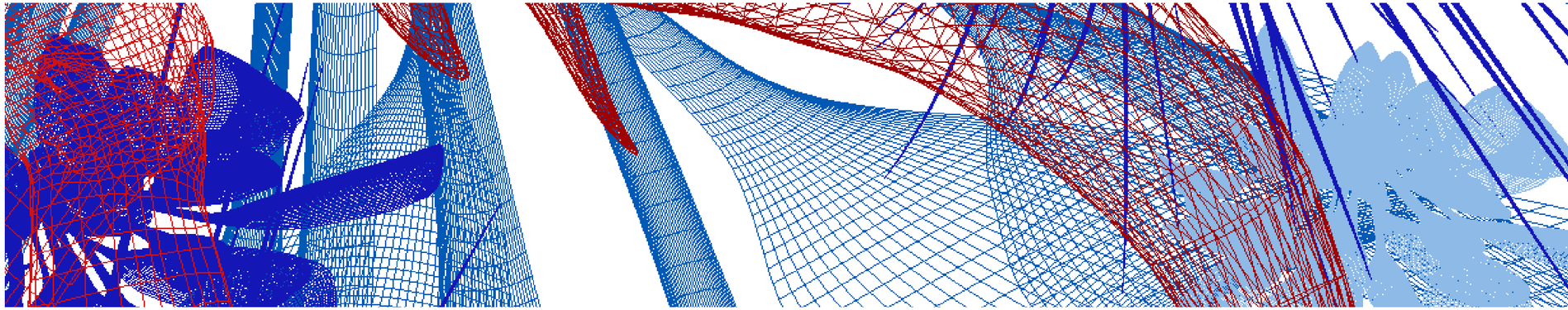


Базовые знания по ключевым для биоинформатики предметам

Междисциплинарное общение и совместные проекты

БИОИНФОРМАТИКА ДЛЯ ИНФОРМАТИКОВ И МАТЕМАТИКОВ / ДЛЯ БИОЛОГОВ

ПРОГРАММА ШКОЛЫ



Лекции
· молекулярная биология · геномика · протеомика · эволюция · системная · биология · технологии секвенирования · сборка геномов и транскриптомов · статистика и анализ данных

Практики
· программирование на языках Python и R · алгоритмы в биоинформатике · биоинформатические инструменты и базы данных

Конференция

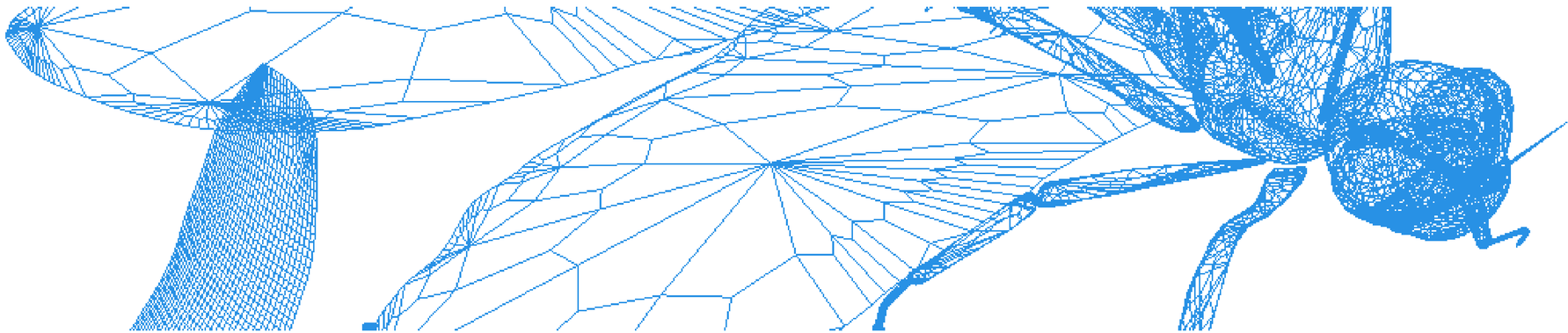
Постерная сессия

Решение реальных исследовательских задач в командах

СТАТИСТИКА ШКОЛЫ

ГОД	'15	'14	'13
ДНИ продолжительность школы	6	6	7
СТУДЕНТЫ студенты, аспиранты и молодые ученые физико-математических, компьютерных и биологических специальностей	100	100	100
ПОТОКИ биологи, информатики и математики	2	2	2
ЧАСЫ ЛЕКЦИЙ часы лекций и мастер-классов	50	53	57
УЧЕНЫЕ приглашенные ученые-биоинформатики	27	30	20

НАУЧНАЯ ПРОГРАММА



КЛЮЧЕВЫЕ ЛЕКТОРЫ

Михаил Гельфанд,
МГУ, ИППИ РАН

Алла Лапидус,
СПбГУ

Алексей Кондрашов,
University of Michigan, МГУ

Андрей Зиновьев,
Institut Curie

Илья Серебрийский,
Fox Chase Cancer Center

Татьяна Татаринова,
University of Southern California

Филипп Хайтович,
Shanghai Institutes for Biological Sciences, Сколтех

Петр Харченко,
Harvard Medical School

НАУЧНЫЕ ПРОЕКТЫ

Построение классификатора типов рака / University of California, San Diego

Работа с данными трио / Центр геномной биоинформатики СПбГУ

Работа с данными RNA-Seq / Центр геномной биоинформатики СПбГУ

Исследование референсного генома / iBinom

Исследование патогенных мутаций / iBinom

Сборка пяти штаммов дрожжей Saccharomyces cerevisiae и анализ полученных результатов / Центр геномной биоинформатики СПбГУ

Анализ данных секвенирования Т-клеточных рецепторов / Институт биоорганической химии РАН

Разработка модели сборки Т-клеточных рецепторов и вычисление вероятностей сборки / Институт биоорганической химии РАН

HLA-типирование по данным высокопроизводительного секвенирования / Институт биоорганической химии РАН

КУРАТОРЫ ПРОЕКТОВ

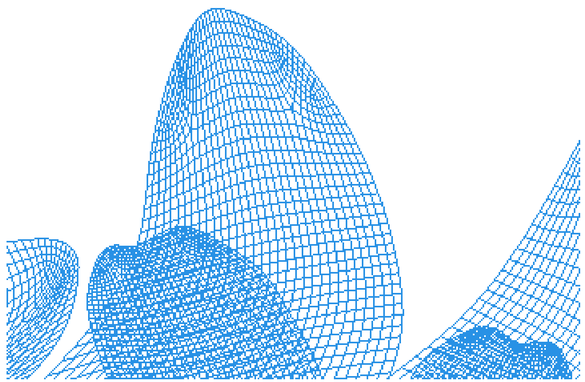
Михаил Колмогоров
University of California, San Diego

Михаил Райко
Центр геномной биоинформатики СПбГУ

Игнатий Колесниченко
iBinom

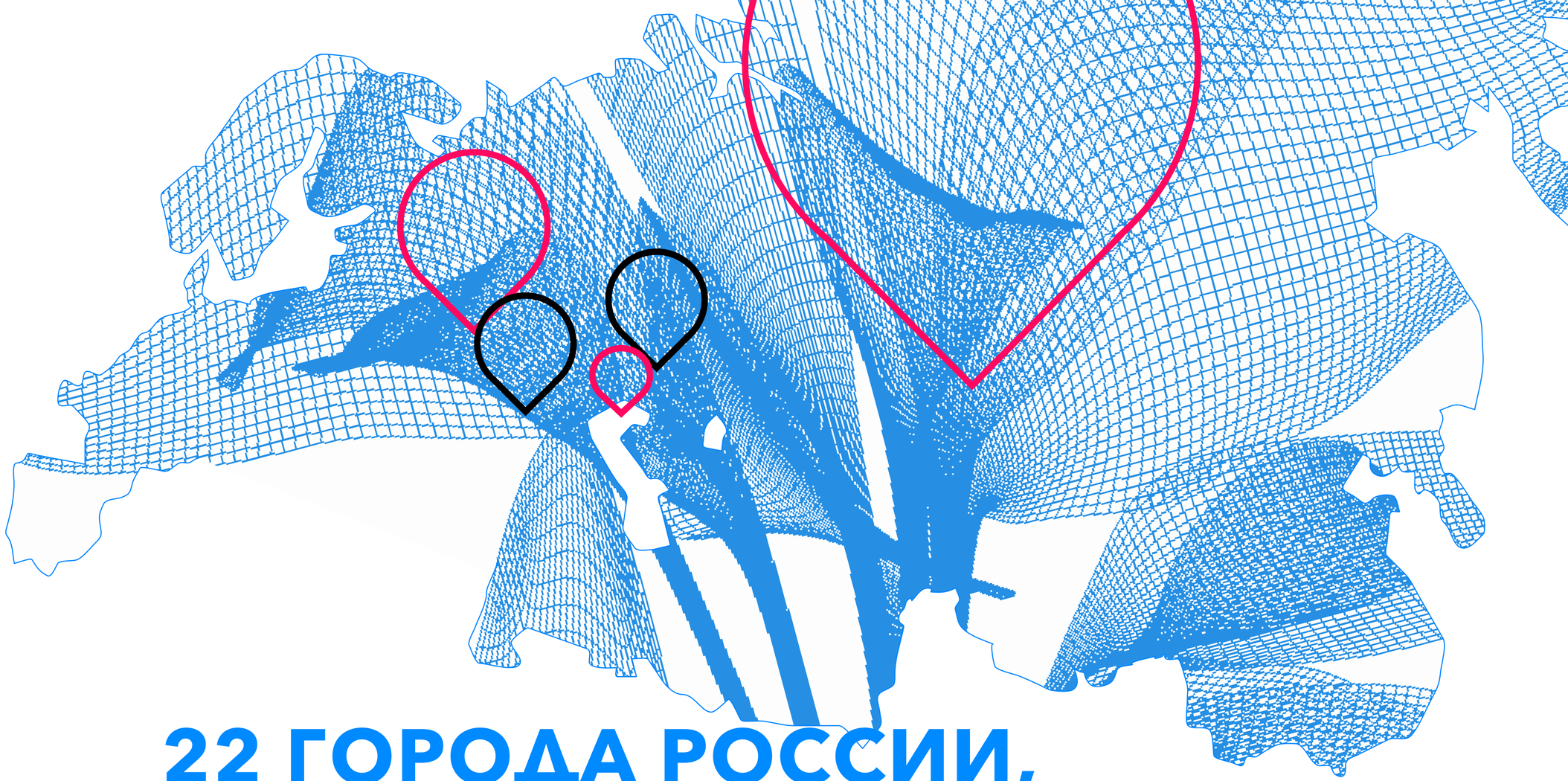
Вадим Назаров
Институт биоорганической химии РАН, НИУ ВШЭ

Элина Радченко
Институт биоинформатики



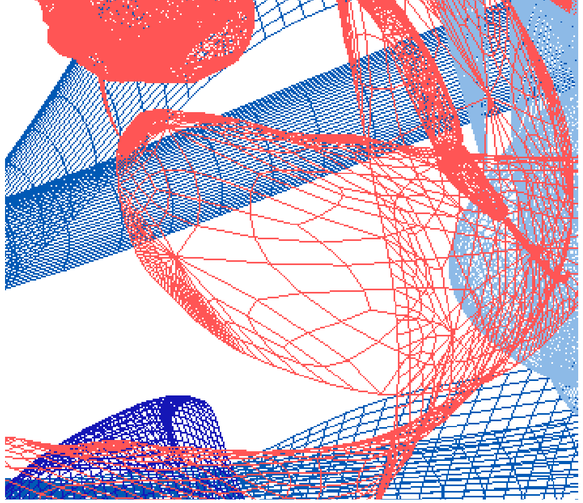
УЧАСТНИКИ

ГОД	'15	'14	'13
ЗАЯВКИ общее количество заявок	661	445	403
БИОЛОГИ заявки на поток Биологов	415	286	278
ИНФОРМАТИКИ заявки на поток Информатиков	246	159	125
ПРИНЯТО количество принятых студентов	100	100	100
БИОЛОГИ принято на поток Биологов	50	49	51
ИНФОРМАТИКИ принято на поток Информатиков	50	51	49



ГЕОГРАФИЯ

22 ГОРОДА РОССИИ, УКРАИНА, БЕЛОРУССИЯ, АРМЕНИЯ, КАЗАХСТАН



ОРГАНИЗАТОРЫ

Николай Вяхxи

Екатерина Чайкина

Наталья Машьянова

Кирилл Григорьев

Анна Черныш

ВОЛОНТЕРЫ ШКОЛЫ

Михаил Райко

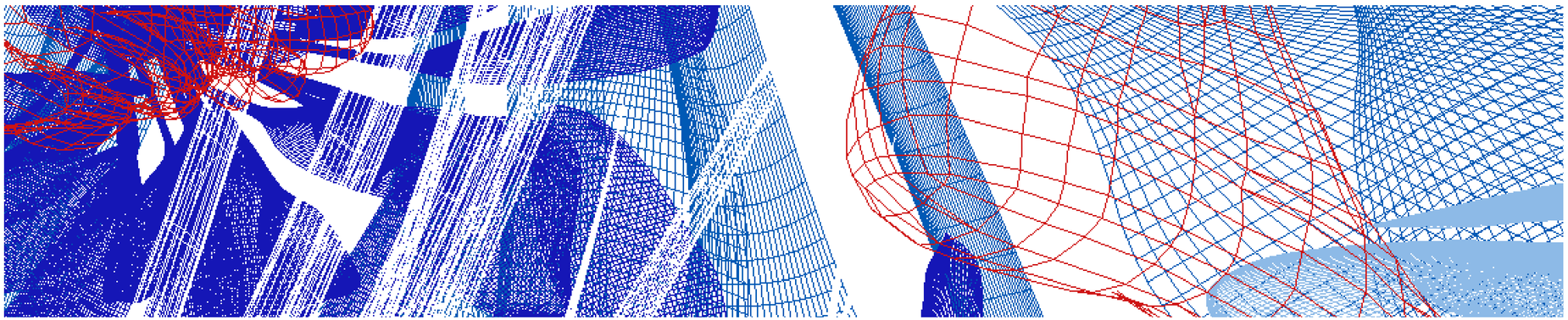
Вадим Назаров

Тимофей Бондарев

Ольга Бондарева

Элина Радченко

Екатерина Заикина



ПУБЛИКАЦИИ

JUSTBIO.RU

RUSNANONET.RU

INPHARM.RU

SK.RU

INTERNETNOVOSTI.RU

NANONEWS.RU

BIOMOLECULA.RU

МАТЕРИАЛЫ ШКОЛЫ

ПРЕЗЕНТАЦИИ

BIOINF.ME/SUMMER2015/MATERIALS

ВИДЕОЗАПИСИ ЛЕКЦИЙ

БУДУТ ДОСТУПНЫ НА НАШЕМ КАНАЛЕ YOUTUBE

YOUTUBE.COM/CHANNEL/UCWNVCYZJYC3CCLP7ZFYPAJA

JetBrains

ОАО «РВК»

ПАРТНЕРЫ

BIOCAD

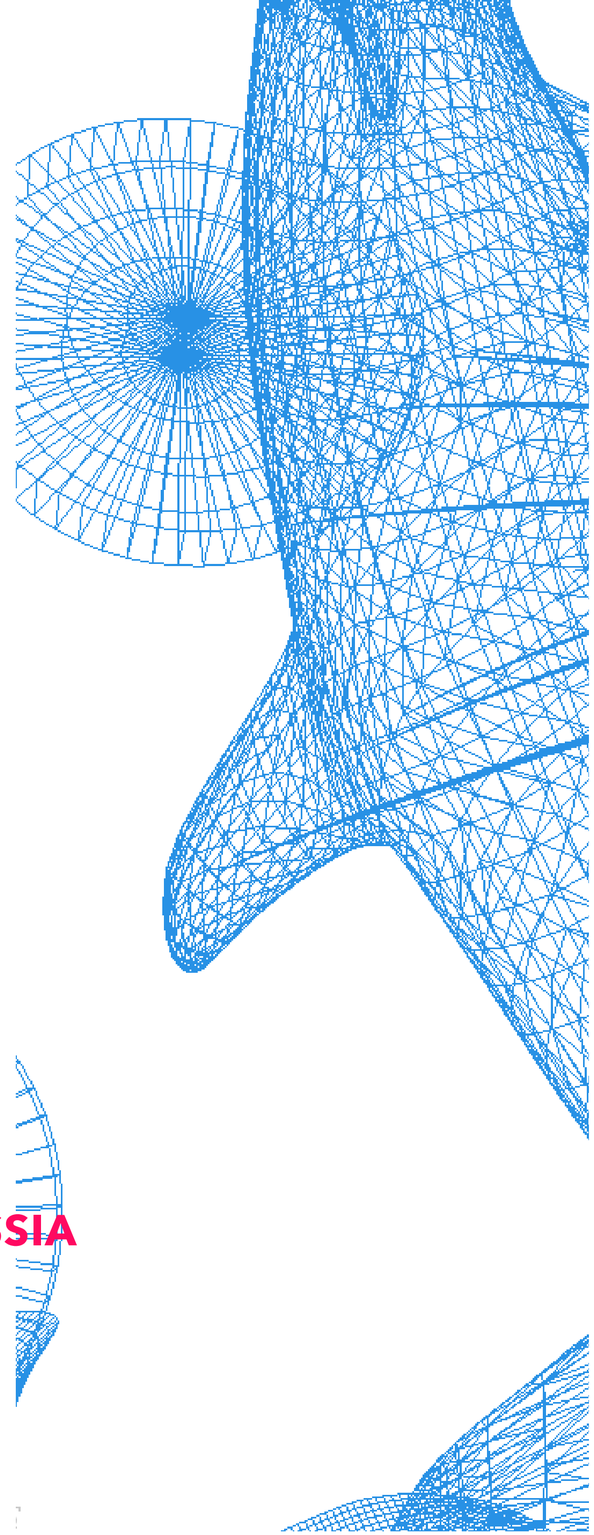
EMC

Фонд Дмитрия Зимина «Династия»

ДРУЗЬЯ ШКОЛЫ

iBinom

«СКБ Контур»



СПАСИБО!

BIOINF.ME/SUMMER2015

INFO@BIOINF.ME

VK.COM/BIOINF

TWITTER.COM/BIOINFORUSSIA

ПО ВОПРОСАМ СОТРУДНИЧЕСТВА

ЕКАТЕРИНА ЧАЙКИНА,

CHAYKINA@BIOINFORMATICSINSTITUTE.RU

+7 981 861 82 51