

	<i>strana</i>
L1-01 Metódy pre spracovanie sekvenačných dát z moderných sekvenátorov <i>Vinař Tomáš, Univerzita Komenského v Bratislave</i>	7
L1-02 Charakterizace satelitních sekvencí z NGS dat <i>Novák Petr, Biologické Centrum AV ČR, v. v. i. České Budějovice</i>	8
L1-03 Role retrotransposonů při expanzích genových rodin v genomu člověka a myši <i>Janoušek Václav, Katedra zoologie, Přírodovědecká fakulta UK v Praze</i>	9
L1-04 PredictSNP2: Konsenzuální prediktor vlivu nukleotidových mutací na rozvoj monogenních chorob <i>Bendl Jaroslav, Fakultní nemocnice u sv. Anny v Brně</i>	10
L1-05 Rychlá deterministická vizualizace shotgun metagenomických dat <i>Sedlář Karel, Vysoké učení technické v Brně</i>	11
L2-01 Sémantická dvojshluková analýza dat genové exprese <i>Malinka František, České vysoké učení technické v Praze</i>	15
L2-02 Hammock: nástroj pro shlukování velkého množství krátkých peptidových sekvencí <i>Krejčí Adam, Regionální centrum aplikované molekulární onkologie, Masarykův onkologický ústav Brno</i>	16
L2-03 CeCe - simulátor mezibuněčné komunikace v dynamickém prostředí <i>Fatka Jiří, Západočeská univerzita v Plzni</i>	17
L2-04 Virtuální paralelní infrastruktury pro velká data v metabolomice <i>Fesl Jan, Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích, Přírodovědecká fakulta, Ústav aplikované informatiky</i>	18
L2-05 Chameleon 2: algoritmus pro hierarchické shlukování dat <i>Bartoň Tomáš, Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i. Praha 4</i>	19

L3-01	23
Predikce toxicity nanočástic	
<i>Anděl Michael, Ústav experimentální medicíny AV ČR Praha</i>	
L3-02	25
Léčiva na biologických membránách pohledem výpočetní chemie	
<i>Berka Karel, Univerzita Palackého v Olomouci</i>	
L3-03	26
QSAR modelování jako nástroj pro zkoumání chemogenomického prostoru	
<i>Škuta Ctibor, CZ-OPENSREEN, Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i. Praha 4</i>	
L3-04	27
Jak najít jehlu v kupce sena aneb orientace v dnešních databázích	
<i>Svoboda Ondřej, ChemAxon s.r.o. Praha</i>	
L3-05	28
Pokročilé dotazování jazykem SPARQL v databázích malých molekul	
<i>Galgonek Jakub, Ústav organické chemie a biochemie AV ČR, v. v. i. Praha 6</i>	
L3-06	29
Vývoj nového farmakoforového modelu	
<i>Mareška Václav, VŠCHT Praha</i>	
L3-07	30
Využití nábojových deskriptorů v chemoinformatice	
<i>Geidl Stanislav, Národní centrum pro výzkum biomolekul, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita Brno</i>	
L4-01	33
Suboptimální struktury hledají optimální RNA	
<i>Pánek Josef, MBÚ AV ČR Praha</i>	
L4-02	34
Homologní predikce terciární struktury RNA	
<i>Hoksza David, Univerzita Karlova Praha</i>	
L4-03	35
Lokální konformery DNA a jejich automatické přiřazování	
<i>Božiková Paulína, Biotechnologický ústav, AV ČR Vestec</i>	

	<i>strana</i>
L4-04 Detekce biomolekulárních substruktur pomocí PatternQuery <i>Pravda Lukáš, Masarykova univerzita - Přírodovědecká fakulta Brno</i>	36
L4-05 Výskyt sekundárních struktur v sekvenčním prostoru proteinů <i>Tret'jačenko Vjačeslav, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy v Praze</i>	37
L4-06 HotSpot Wizard 2.0: Automatický návrh aminokyselinových mutací a chytrých knihoven pro proteinové inženýrství <i>Štourač Jan, Fakultní nemocnice u sv. Anny v Brně</i>	39
L4-07 Extrakce biologicky relevantních informací ze 3D struktur biomakromolekul <i>Svobodová Vařeková Radka, Masarykova Univerzita CEITEC - Středoevropský technologický institut Brno</i>	41
L4-08 Altruistická metadynamika <i>Hošek Petr, VŠCHT Praha</i>	43
L5-01 Efektivní stabilizace proteinů a identifikace nových substrátů pro biotechnologie: hybridní experimentální a výpočetní přístupy <i>Brezovský Jan, Fakultní nemocnice u sv. Anny v Brně</i>	47
L5-02 Aktivace genu NKD1 je známkou aberantní signalizace Wnt dráhy v nádorech epitelu: bioinformatická analýza velkých veřejně dostupných datasetů <i>Kolář Michal, Ústav molekulární genetiky AV ČR Praha 4</i>	48
L5-03 Identifikace a lokalizace mutací v repetitivní oblasti genu MUC1 <i>Přistoupilová Anna, Univerzita Karlova v Praze, 1. lékařská fakulta</i>	50
L5-04 Evoluční a speciální genomika na modelu dvou druhů slavíků <i>Reifová Radka, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova v Praze</i>	51
L6-01 Software Development for Life Sciences (SD4LS) <i>Pergl Robert, Fakulta informačních technologií, ČVUT v Praze</i>	105

	<i>strana</i>
P-01 Identifikácia a štúdium domén ľudského ryanodínového receptora 2 zodpovedných za ochorenia srdca <i>Bauerová Vladena, Ústav molekulárnej biológie SAV, Bratislava</i>	55
P-02 Molekulární dokování růstových regulátorů. <i>Bazgier Václav, Katedra fyzikální chemie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci</i>	57
P-03 Studium molekulárních základů evoluce feromonové komunikace hmyzu prostřednictvím RNA-seq <i>Buček Aleš, Ústav organické chemie a biochemie, AV ČR, Praha 6</i>	58
P-04 Dolbico: Databáze lokálních konformací biomolekul <i>Čech Petr, VŠCHT Praha</i>	59
P-05 Návrh chemické knihovny potenciálních agonistů glukokortikoidního receptoru pomocí algoritmu Molpher <i>Čmelo Ivan, VŠCHT Praha</i>	60
P-06 Uživatelsky orientované webové nástroje Loschmidtových laboratoří <i>Damborský Jiří, Fakultní nemocnice u sv. Anny v Brně</i>	61
P-07 Computer aided drug design towards new inhibitors of Kynurenine Aminotransferase <i>Dehaen Wim, VŠCHT Praha</i>	62
P-08 Nástroj pro generování elementárního složení z dat hmotnostních spektrometrů s vysokým rozlišením <i>Doležalová Marie, Jihočeská univerzita, Přírodovědecká fakulta, Ústav aplikované informatiky, České Budějovice</i>	63
P-09 Analýza zmesných vzoriek vo forenznej genetike pomocou metód sekenovania novej generácie <i>Ďuriš František, Geneton s.r.o., Bratislava</i>	64

- P-10 65
Shluková analýza lidské starodávné mtDNA: 30 000 let pod maternální dědičností
Ehler Edvard, *Katedra biologie a environmentálních studií, Univerzita Karlova v Praze
Pedagogická fakulta*
- P-11 67
Štatistický model pre anotáciu genomických mikrosatelitov
Gazdarica Juraj, *Geneton s.r.o., Bratislava*
- P-12 68
ChrgDescCalc.py – nástroj na výpočet nábojových deskriptorů
Hejret Václav, *Masarykova univerzita CEITEC MU, Brno*
- P-13 69
Analýza genové exprese u novorozenců narozených v prostředí s různou úrovní znečištění ovzduší
Hoňková Kateřina, *Oddělení genetické ekotoxikologie, Ústav experimentální medicíny AV ČR, v.v.i., Praha 4*
- P-14 70
Evoluční historie nejstaršího lentiviru: charakterizace integrací ELVgv a pozitivní selekce TRIM5 v řádu Dermoptera
Hron Tomáš, *Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i., Praha 4*
- P-15 71
Analýza výskytu k-merov aminokyselin na rozhraní komplexov protein – DNA: hľadanie kovariáci s rozpoznávanými nukleotidovými sekvenciami
Jakubec Dávid, *Ústav organické chemie a biochemie AV ČR, Praha 6*
- P-16 72
Na cestě k plně automatické identifikaci molekul
Jarkovská Karla, *ChemAxon s.r.o., Praha*
- P-17 73
Využití báze znalostí pro predikci protein-protein interakčních míst
Jelínek Jan, *Univerzita Karlova v Praze; Matematicko-fyzikální fakulta, Praha 2*
- P-18 74
Komplexní bioinformatická analýza expresních a mutačních profilů dlaždicobuněčných karcinomů hlavy a krku
Kolář Michal, *Ústav molekulární genetiky AV ČR, Praha 4*

P-19	75
Parametrizace ekvalizace elektronegativity (EEM) metodou diferenciální evoluce <i>Křenek Aleš, Ústav výpočetní techniky, MU, Brno</i>	
P-20	77
Dynamika skladania RNA pomocou „Basin Hopping“ grafov <i>Kucharík Marcel, Geneton s. r. o., Bratislava</i>	
P-21	78
Nové ligandy G-kvadruplexu c-myc <i>Kužmová Erika, Ústav organické chemie a biochemie AV ČR, v. v. i., Praha 6</i>	
P-22	79
Jak citlivá je identifikace inzerčních míst transpozonů přímo ze sekvenačních dat? <i>Lexa Matej, Masarykova univerzita, Fakulta informatiky, Brno</i>	
P-23	80
Automatická anotácia sekundárnych štruktúr v cytochrómoch P450 a hodnotenie ich štruktúrnej podobnosti <i>Midlik Adam, NCBR, Masarykova univerzita, Brno</i>	
P-24	82
ChemGenDB – integrovaná platforma pro sběr a analýzu chemických sloučenin a HTS dat <i>Müller Tomáš, Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i., Praha 4</i>	
P-25	83
FireProt: výpočetní platforma pro návrh termostabilních vícebodových mutantů <i>Musil Miloš, Vysoké učení technické v Brně, Fakulta informačních technologií, Brno</i>	
P-26	84
Korelace mezi Bayesovským skóre a biologickou aktivitou ligandů aktivních na estrogenních receptorech α a β <i>Novotný Jiří, VŠCHT Praha</i>	
P-27	85
Evoluce genomu Burkholderia contaminans během chronické infekce pacienta s cystickou fibrózou <i>Nunvář Jaroslav, Ústav lékařské mikrobiologie 2. LF UK a FN Motol, Praha</i>	

- P-28 86
Porovnání výsledků genové exprese při použití různých anotací genomu
Oppelt Jan, NCBR & CEITEC MU, Brno
- P-29 88
Potlačení aktivity imunitního systému v primárním nádoru u pacientů s kolorektálním karcinomem consensus molecular subtype 2 je důležité pro vznik metastázy.
Ostašov Pavel, Lékařská fakulta v Plzni, Univerzita Karlova v Praze
- P-30 89
Vytěžování znalostí ze souborů chemických dat na základě interpretace QSAR modelů
Polishchuk Pavlo, Lékařská fakulta Univerzity Palackého v Olomouci - IMTM
- P-31 90
Stanovení efektivity sestřihu pre-mRNA z RNA-seq dat
Převorovský Martin, Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta, Praha 2
- P-32 91
NEEMP – nástroj pro parametrizaci EEM
Raček Tomáš, Masarykova Univerzita; CEITEC - Středoevropský technologický institut, Brno
- P-33 93
Vliv kořenů rostlin na složení a funkční potenciál mikrobiálních komunit v dlouhodobě kontaminované zemině
Rídl Jakub, Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i., Praha
- P-34 94
Algoritmus pro rekonstrukci ncRNA BLAST hitů s nevýznamným skóre využívající suboptimálních struktur RNA
Schwarz Marek, Mikrobiologický ústav AV ČR, Praha
- P-35 95
Molpher-lib: softwarová knihovna pro systematickou exploraci chemického prostoru
Šicho Martin, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
- P-36 96
Reprodukovatelná analýza efektivity fingerprintů
Škoda Petr, Univerzita Karlova v Praze, Matematicko-fyzikální fakulta, Praha 2

P-37	97
ChemSpace.js: Vizualizace chemického prostoru pro webové aplikace <i>Škuta Ctibor, CZ-OPENSREEN, Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i., Praha 4</i>	
P-38	98
Hľadanie substrátovej špecificity DUSP fosfatáz <i>Sladeček Stanislava, Univerzita Karlova v Praze</i>	
P-39	99
Genomový projekt <i>Pseudomonas alcaliphila</i> JAB1 <i>Strnad Hynek, Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i., Praha 4</i>	
P-40	100
SEED v2.0 – uživatelsky příjemné prostředí pro zpracování ampliconových sekvencí z NGS <i>Větrovský Tomáš, Mikrobiologický ústav AV ČR, v. v. i., Praha</i>	
P-41	101
Databáze látek zpomalujících stárnutí <i>Voller Jiří, IMTM, Olomouc</i>	
P-42	102
Počítačová predikce syntetické dostupnosti <i>Voršilák Milan, VŠCHT Praha</i>	