

# Программа конференции

**15 мая** 2014 года, начало в 10:00

Адрес: Москва, ул. Миклухо-Маклая 16/10, ИБХ РАН.

Доклады по 15 мин и 5 мин на вопросы.

2014  
INGGS

Большой зал ИБХ:

## Доклады разработчиков и поставщиков аппаратуры

10.00 – 11.20

Решения для секвенирования Рош - новинки 2014

Надежда Коробан, ООО "Рош Диагностика Рус"

Платформа Ion Torrent в 2014 году: технология и приложения

Павел Натальин, Life Sciences Solutions, Thermo Fisher Scientific

Новые достижения компании Illumina в области секвенирования следующего поколения

Николай Егоров, ООО "ИЛС"

Автоматизация пробоподготовки для NGS от компании "PerkinElmer"

Юлия Миронова, ЗАО "Приборы"

Кофе-брейк

11.20 – 11.40

## Доклады разработчиков и поставщиков аппаратуры (продолжение)

11.40 – 13.10

Приготовление и оценка качества библиотек для NGS: Qsonica, Sage Science, Abcam, NEB

Николай Майер, Компания "Диаэм"

Вспомогательные технологии для NGS: пробоподготовка от Rubicon Genomics, отбор целевых фракций клеток на чипах от Abnova

Илья Дёмин, ЗАО «БиоХимМак Диагностика»

Targeted amplicon sequencing: from bulk DNA to single cells,

Amy Hamilton, Fluidigm Corporation

Секвенирование единичных клеток. Перспективы использования в биологии и медицине

Вадим Жерновков, Компания "Хеликон"

Разрабатываемые технологии NGS и рынок существующих технологий,

Владислав Трошин, ООО "Троицкий инженерный центр"

Обед

13.10 – 13.40

## Секвенирование геномов прокариот и метагеномное секвенирование. Секвенирование транскриптомов эукариот

13.40 – 15.00

Использование данных о нуклеотидных полиморфизмах для изучения структуры микробных сообществ

Дмитрий Алексеев, НИИ ФХМ ФМБА России

Анализ метагеномов микробных сообществ подземных термальных вод Западной Сибири

Виталий Кадников, Центр "Биоинженерия" РАН

Бактериальные комплексы пародонта в норме и при агрессивном пародонтите

Анна Шибалева, ИБХФ РАН

---

Анализ функций генов у растений с использованием транскриптомных карт

Алексей Пенин, ФББ МГУ им. М.В. Ломоносова

---

Кофе-брейк

15.00 – 15.20

---

**Стратегии анализа данных масштабного секвенирования для различных приложений.**

15.20 – 16.40

---

OncoFinder: новый метод высокопроизводительного анализа транскриптомов для исследования активности сигнальных путей и подбора эффективной терапии

Антон Буздин, ИБХ РАН

---

Обработка данных секвенирования следующего поколения в один клик - решение iVinom

Андрей Афанасьев, ООО "Бином"

---

Молекулярное баркодирование и коррекция hot-spot ошибок ПЦР в NGS данных

Дмитрий Чудаков, ИБХ РАН

---

De novo секвенирование, сборка и ее верификация геномов полиплоидных растений

Артем Касьянов, ИОГен РАН

---

Кофе-брейк

16.40 – 17.00

---

**Применение высокопроизводительного секвенирования в медицинской практике**

17.00 – 18.40

---

Новые диагностические подходы при наследственном раке молочной железы и яичников

Людмила Любченко, РОНЦ РАМН

---

Анализ таргетных участков генома с использованием секвенирования нового поколения при злокачественных новообразованиях ЖКТ

Татьяна Наседкина, РОНЦ РАМН

---

Неинвазивная пренатальная диагностика (NIPT) на базе платформы Ion Proton Дмитрий Коростин, НЦАГиП МЗ РФ

---

Полногеномное секвенирование плода по внеклеточной ДНК из крови матери

Валерий Ильинский, ООО "Генотек"

---

Использование секвенирования экзона для диагностики нервно-мышечных заболеваний и заболеваний аутистического спектра

Пётр Шаталов, ООО "Генотек"

---

**Доклады сервисных центров (продуктовые линейки, цены, сроки)**

18.40 – 19.00

---

Актуальные предложения по высокопроизводительному секвенированию

Дмитрий Щербо, ЗАО "Евроген"

---

Услуги по секвенированию и генотипированию от компании Genotek

Ольга Кардымон, ООО "Генотек"

---

Малый зал ИБХ:

**Круглый стол по технологическим вопросам NGS (для операторов, работающих на приборах NGS)**

14.30 – 15.30

---

Типичные проблемы при использовании протоколов NGS

---

Типичные проблемы ПО и «железа»

---

Оптимизация протоколов

---