

Большой зал ИБХ РАН

Доклады разработчиков и поставщиков аппаратуры

10.00 - 11.20

Секвенирование от Рош: настоящее и ожидания ближайшего будущего
Мария Грачёва, ООО «Рош Диагностика Рус»

Illumina: the new horizons in Next Generation Sequencing
Florian Graedler, Illumina

QIAGEN NGS Solutions - from sample to insight
Raed Samara, QIAGEN

Pacific Bioscience: технология одномолекулярного секвенирования в режиме реального времени
Ирина Карпова, ООО «Аламед»

11.20 - 11.40 ☕ Кофе-брейк

11.40 - 13.00

Доступ к полному геному одной клетки и другие вспомогательные технологии для NGS
Илья Дёмин, ЗАО «БиоХимМак»

Высокопроизводительное генотипирование и валидация NGS на базе геномной масс-спектрометрии
Анатолий Афанасьев, ООО «БИОГЕН-АНАЛИТИКА»

Панели для целевого обогащения Agilent, новые прикладные направления
Дмитрий Квон, ООО «ГенЭра»

Приготовление и оценка качества библиотек для NGS: Qsoniq, Sage Science, Abcam, NEB
Дмитрий Дмитриенко, компания «Диаэм»

13.00 - 14.00 🍽 Обед

Секвенирование геномов прокариот и метагеномное секвенирование

14.00 - 15.20

Изучение взаимовлияния состава консорциумов кишечника и пародонта методами высокопроизводительного секвенирования
Алексей Шевелёв, ФГБНУ ИПВЭ им. М. П. Чумакова

Определение видового состава микробиоценозов методами секвенирования нового поколения
Кирилл Цуканов, Genotek Inc.

Полногеномное секвенирование в исследовании адаптивных возможностей *Listeria monocytogene*
Е. И. Аксёнова, ФНИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи Минздрава России

Доказательства адаптивности и вирулентности трансмиссионного штамма *Achromobacter ruhlandii* ST36
М. С. Кунда, ФНИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи Минздрава России

15.20 - 15.40 ☕ Кофе-брейк

Секвенирование геномов эукариот и стратегии анализа данных масштабного секвенирования для различных приложений

15.40 - 16.40

Применение NGS-данных для разработки молекулярно-цитогенетических маркеров хромосом растений: на примере *Allium fistulosum* и *Cannabis sativa*
Илья Киров, РГАУ-МСХА им. К. А. Тимирязева

Сравнительный анализ популяций человека на основе агрегированных данных экзомного и полногеномного секвенирования
Дмитрий Борисевич, Genotek Inc.

Подходы к систематизации данных омиксных исследований
Антон Брагин, Parseq Lab

Малый зал ИБХ РАН

Применение высокопроизводительного секвенирования в медицинской практике

13.00 - 14.20

Использование NGS в клинической диагностике - опыт США

Андрей Афанасьев, iBinom

Неинвазивная пренатальная диагностика (NIPT) - современные решения для РФ

Екатерина Шубина, НЦАГиП им. В. И. Кулакова

Оценка уровня гетероплазмии митохондриальной ДНК в крови и атеросклеротически изменённых сосудах на платформе Illumina

Мария Голубенко, НИИ медицинской генетики (Томск)

Опыт применения полупроводникового секвенирования в комплексной диагностике синдрома удлинённого интервала QT

Лев Шагам, Научно-исследовательский клинический институт педиатрии РНИМУ им. Н. И. Пирогова

14.20 - 15.00

 Обед

15.00 - 16.20

Ion Torrent: инновации для геномики рака

Павел Натальин, Life sciences solutions, Thermo Fisher Scientific

Targeted-enrichment for NGS in Cancer Research

Raed Samara, QIAGEN

Эпигенетическое исследование рака почки методом RRBS

Николай Чеканов, ЗАО «Геноаналитика»

Выявление герминальных мутаций при злокачественных новообразованиях ЖКТ с помощью таргетного секвенирования

И. С. Абрамов, Российский онкологический научный центр им. Н. Н. Блохина

16.20 - 16.40

 Кофе-брейк

16.40 - 18.00

Клиническое секвенирование экзона: проблемы и решения

Валерий Ильинский, Genotek Inc.

Медицинская система интерпретации генотипических и фенотипических данных для моногенных заболеваний человека

Александр Ракитько, Genotek Inc.

Возможности NGS в диагностике редких наследственных синдромов

Александра Семьянихина, Российский онкологический научный центр им. Н. Н. Блохина

Опыт клинической интерпретации данных секвенирования экзона: взгляд врача-генетика

Елена Окунева, Genotek Inc.

Семинарская Технопарка ИБХ РАН

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

14.20 - 15.40

Приготовление библиотек ДНК: некоторые идеи о повышении качества

Дмитрий Коростин, НЦАГиП им. В. И. Кулакова

Подготовка клинических образцов ДНК человека под метагеномное секвенирование - поиск вирусных последовательностей

Е. Рубальский, МНИИЭМ им. Г. Н. Габричевского

Прочее: типичные проблемы при использовании протоколов NGS, типичные проблемы ПО и «железа», оптимизация протоколов и др.