

ТРЕБОВАНИЯ К ТЕЗИСАМ

Материалы для публикации должны быть представлены **не позднее 10 мая 2019 г.** в электронном виде с пометкой «Тезисы_ОМ2019» по электронному адресу oncomarkers2019@yandex.ru:

ВАЖНО: Название файла должно быть **обязательно** набрано латинскими буквами и соответствовать фамилии и инициалам первого автора, направление конференции и форме участия. Например: Ivanov I.I._ Патологическая_морфология_очно

Требования к оформлению тезисов для опубликования:

- объем 1-3 страницы в электронном варианте;
- текстовый редактор – Microsoft Word;
- шрифт – Times New Roman, кегль 12;
- межстрочный интервал – одинарный;
- поля – сверху и снизу по 2 см, слева и справа по 3 см;
- рисунки, графики, картинки, в т.ч. цветные, допускаются в тексте.

Язык оформления тезисов:

1. Заголовок тезисов должен быть представлен на русском **и на** английском языке.
2. Аннотация тезисов должна быть представлена на русском **и на** английском языке.
3. Текст тезисов должен быть **или** на русском или на английском языке.
4. При желании, вы можете указать свою электронную почту для связи.

ПРИМЕР ОФОРМЛЕНИЯ ТЕЗИСОВ

УДК 57.087.1

РАЗРАБОТКА КОМПЛЕКСА ПРОГРАММ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ КОДИРУЮЩИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНОВ И ИХ УЧАСТКОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

DEVELOPMENT OF THE PROGRAM COMPLEX FOR INVESTIGATION OF CODING SEQUENCES OF GENES AND THEIR PARTS ASSOCIATED WITH DISEASES

Кечин А.А., Боярских У.А., Филипенко М.Л.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт химической биологии и фундаментальной медицины Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

Kechin A.A., Boyarskikh U.A., Filipenko M.L.

Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (ICBFM SB RAS), Novosibirsk, Russia
e-mail: a.a.kechin@gmail.com

Разработан комплекс программ для подготовки и анализа таргетного секвенирования экзонов генов и их участков, ассоциированных с заболеваниями. Комплекс имеет следующий функционал: автоматическое конструирование праймеров, вырезание последовательностей праймеров из полученных при секвенировании прочтений, анализ прочтений и выявление вариаций.

Ключевые слова: конструирование и дизайн праймеров, NGS, таргетное секвенирование, анализ данных

Abstract. We have developed program complex for preparation and analysis of targeted sequencing gene exons and their parts, associated with diseases. The complex has the following features: automatic primer design, trimming primers sequences from reads, processing reads and variant calling.

Keywords: primer design, NGS, targeted sequencing, data analysis

Далее следует текст тезисов на одном из двух языков.