**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](mailto: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 investigration 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](mailto: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.***