

Пятая международная научно-практическая конференция
«NGS в медицинской генетике 2021»

Постерная сессия

Среда, 28 апреля, 21:00-23:00

№	Название	Авторы
П1	Диагностика наследственного рака молочной железы и рака яичников методом NGS	<i>Е.И. Новикова, Г.П. Снигирева, Е.Н. Мараховская, Н.Н. Новицкая, Е.Д. Хазинс</i>
П2	Сдвиг парадигмы: онкогенетическая диагностика для новейших методов лечения рака	<i>Д.В. Осипов</i>
П4	Генная сеть глиобластомы: реконструкция и компьютерный анализ	<i>С.С. Ковалев, Ю.П. Белоусова, А.Д. Панова, Е.Ю. Леберфарб, Ю.Л. Орлов</i>
П5	Электронное здравоохранение и стандартизация клинического секвенирования в России	<i>Ю.Л. Орлов, И.А. Шадеркин, А.Д. Панова, Э.Н. Фартушный, Г.С. Лебедев</i>
П6	Идентификация мутаций с использованием метода полноэкзомного секвенирования у детей с пузырно-мочеточниковым рефлюксом	<i>О.Ч. Мазур, И.В. Шевчук, Е.П. Михаленко, С.В. Байко, О.М. Мальшева, А.В. Кильчевский, А.В. Сукало</i>
П7	Молекулярно-генетические особенности у курящих и некурящих пациентов с немелкоклеточным раком легкого	<i>А.Н. Щаюк, Е.П. Михаленко, М.Н. Шепетько, А.В. Кильчевский</i>
П8	Семейный рак желудка, ассоциированный с мутацией в гене BRCA2	<i>Т.С. Лисица, И.С. Абрамов, А.М. Данишевич, А.И. Закаморная, Г.А. Шипулин</i>
П9	Определение мутаций у пациентов с диагнозом дистальный артрогрипоз методом полноэкзомного секвенирования	<i>А.Д. Слободина, А.Е. Комиссаров, О.Е. Агранович, С.В. Саранцева</i>
П10	Современные биоинформатические подходы в области прецизионной онкологии	<i>Н.А. Кулемин, С.А. Попов, В.В. Дембровский, Д.А. Коростин, А.Ю. Горбачев</i>
П11	Незнакомые симптомы хорошо знакомых факоматозов, или как результаты ДНК-диагностики, полученные методом NGS, дают новые подходы к лечению редких заболеваний в хирургии	<i>В.А. Румянцева, В.С. Русинова, Г.А. Казарян, Д.В. Базаров, Е.Н. Тельшева, А.Ю. Павлов, Г.П. Снигирева, Е.В. Заклязьминская</i>
П12	Молекулярно-генетические маркеры синдрома Брука	<i>А.Е. Комиссаров, А.Д. Слободина, О.Е. Агранович, С.В. Саранцева</i>
НП1	Разработка алгоритма анализа данных высокопроизводительного секвенирования для количественной оценки частоты хромосомных aberrаций в исследованиях генотоксичности химических соединений для человека	<i>И.М. Михайлов, И.С. Абрамов, А.Д. Мацвай, Г.А. Шипулин</i>