

Variant Effect Prediction Training Course

29 - 31 May 2019 | Moscow
veptc.variome.org

Что такое VEPTC?

Начиная с первого курса VEPTC в 2016 году Human Variome Project проводит ежегодные обучающие курсы по предсказанию эффектов вариантов. Курс представляет собой смесь теоретических и практических занятий, которые проводят приглашенные докладчики экспертного уровня. Практические сессии представляют собой смесь академических и коммерческих презентаций, дающих участникам курса практический навык в работе с компьютерными инструментами анализа.

Для кого предназначен этот курс?

Ожидаемые участники – люди, работающие в ДНК-лабораториях, включая клинико-диагностические лаборатории, проводящие анализ данных ДНК-секвенирования.

Требуемые знания – базовые знания молекулярной биологии (ДНК, РНК, белки), лабораторных молекулярно-биологических технологий (например, секвенирования) и генетики человека.

Участники должны иметь свой собственный ноутбук.

Курс проводится на английском языке.

Все подробности приведены на сайте veptc.variome.org

Ключевые даты

Супер ранняя регистрация

Первые 20 делегатов,
зарегистрированные до 31 декабря 2018
года

Ранняя регистрация

С 01 января по 29 марта 2019 года

Завершение приема тезисов

28 февраля 2019 года

Программный комитет

Иохан Т. ден Дюннен (Лейден, Нидерланды)
- председатель

Александр В. Поляков (Москва, Россия)

Олег Гусев (Рикен, Япония)

Андреас Ланер (Мюнхен, Германия)

ограниченные места

Научные сессии

- Варианты в геноме, положения и возможные последствия
- Ограничения NGS: технологии секвенирования, сбор вариантов
- HGVS номенклатура; описание вариантов
- Онтология фенотипа человека
- Геномные браузеры: Ensemble и UCSC
- Аннотация вариантов с использованием VEP
- Аннотация вариантов с использованием VAI
- Основные базы данных вариантов: OMIM, dbSNP, ExAC и тд
- Основные базы данных вариантов: LSDBs
- ДНК-диагностика = обмен данными
- Потенциальные последствия на уровне РНК и белка
- Инструменты предсказания: РНК и белок
- Классификация вариантов: рекомендации ACMG
- Функциональный анализ: возможности функционального анализа кандидатных вариантов
- CNVs (CNVs по данным полноэкзомного секвенирования)
- NGS в диагностике: где все может пойти не так
- Классификация мультифакторных болезней
- Полноэкзомный анализ
- Будущие разработки
- Коммерческие предложения
- И так далее...

Почему Вы должны присутствовать

Приходите на VEPTC 2019 в Москве и Вы получите:

Знания от продвинутых докладчиков на пленарных сессиях и практических занятиях

Самую ценную информацию о лучших инструментах для интерпретации вариантов

Услышите о номенклатуре вариантов от эксперта – Иохана Т. Ден Дюннена

Обсудите сложности в классификации вариантов с использованием рекомендаций ACMG

Узнаете, как правильно описать фенотип с использованием HPO

Вырастете как профессионал в своей области

Встретитесь и пообщаетесь с известными медицинскими генетиками

Откроете для себя новейшие технологии и инструменты от ведущих компаний.

Кто может принять участие

- Молекулярные генетики
- Клинические генетики
- Генетики-исследователи
- Молекулярно-диагностические лаборатории
- Биоинформатики
- Медики, интересующиеся геномикой
- Любой, кто интерпретирует варианты ДНК на постоянной основе

Join us at
VEPTC
2019

