



Национальный Центр Биотехнологии

Международная конференция

«ДНК идентификация: от древности к современности»

25-26 апреля 2019 года

Глубокоуважаемые коллеги!

РГП «Национальный центр биотехнологии» Комитета науки Министерства образования и науки Республики Казахстан выражает Вам своё глубокое почтение и приглашает принять участие в Международной научной конференции «ДНК идентификация: от древности к современности», приуроченной к международному дню ДНК, в городе Астана в период с 25-26 апреля 2019 года.

В конференции примут участие известные ученые из ближнего и дальнего зарубежья, а также ведущие ученые Казахстана.

ЦЕЛЬ КОНФЕРЕНЦИИ:

Обсуждение актуальных вопросов и возможностей в области ДНК-идентификации. Будут представлены примеры исследования древней ДНК в изучении истории человечества и успехи прикладного применения современной ДНК в криминалистике. Фокусом конференции является развитие международного сотрудничества в инновационных геномных исследованиях и прорывных научных разработках в области криминалистической генетики.

ОСНОВНЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ КОНФЕРЕНЦИИ:

- Реконструкция генетической истории популяций человека
- Геномные технологии в судебно-медицинской экспертизе
- Популяционная геномика

ОФИЦИАЛЬНЫЕ ЯЗЫКИ КОНФЕРЕНЦИИ:

Казахский, русский, английский

ФОРМЫ УЧАСТИЯ:

Доклады*, постерная сессия, опубликование тезиса, слушатель.

*Пленарные выступления и доклады сессии определяет Организационный комитет.

Участие в конференции и публикация тезиса бесплатно.

ПРОДОЛЖИТЕЛЬНОСТЬ ВЫСТУПЛЕНИЙ:

Пленарные выступления: 30 минут;

Доклад – 15 минут.

Программа конференции будет размещена на официальном сайте конференции.

ОФИЦИАЛЬНЫЙ САЙТ КОНФЕРЕНЦИИ:

<http://astana-dna2019.biocenter.kz>

Будет доступен с 25 января 2019 года.

МЕСТО ПРОВЕДЕНИЯ:

РГП на ПХВ «Национальный центр биотехнологии» Комитета науки Министерства образования и науки Республики Казахстан, Кургальжинское шоссе, здание 13/5, г. Астана, Республика Казахстан

КЛЮЧЕВЫЕ ДАТЫ:

- ✓ *Онлайн регистрация участников конференции:*
Начало регистрации: 25 января 2019 года.
Окончание регистрации: 20 апреля 2019 года.
- ✓ *Прием заявок, тезисов и докладов – до 25 марта 2019 г.*

ВНИМАНИЮ АВТОРОВ:

Тезисы и заявки на участие направлять на электронный адрес конференции с указанием одного из направлений: astana-dna2019@biocenter.kz

Тезисы публикуются в редакции авторов, без дополнительных правок. Авторы несут полную ответственность за содержание тезисов.

Оргкомитет конференции оставляет за собой право отклонить тезисы низкого качества и плохой редакции от включения их в программу и сборник материалов конференции.

Принятые материалы не возвращаются.

ТРЕБОВАНИЯ К ТЕЗИСУ:

Тезисы должны быть направлены в формате Word (.doc или .docx); интервал – одинарный; гарнитура – Times New Roman, кегль 12. Разметка страницы со всех сторон – 2 см.

Размер текста не должен превышать 350 слов.

Тезисы должны включать заглавное название, авторов и информацию об их аффилиации. Фамилия основного автор должна быть подчеркнута.

Содержание тезиса должно состоять из следующих элементов: введение, методы, результаты и выводы.

Тезис должен быть представлен на официальных языках конференции.

Тексты тезисов не должны содержать рисунки, таблицы, списки литературы.

Тезисы докладов направляются в электронном виде на электронный адрес конференции.

При отправке по электронной почте в качестве названия файла просим использовать следующую форму: **Abstract**_Almaz_Akhmetov, включающую имя и фамилию первого автора на латинице.

Пример оформления тезиса смотрите в Приложении.

ТРЕБОВАНИЯ К ПОСТЕРУ:

Размер постера: максимальная ширина 1 метр, максимальная высота 1.5 метра.

Формат: портретный

Номера постеров будут указаны в финальной программе на сайте конференции.

ОРГАНИЗАЦИОННЫЙ КОМИТЕТ:

Раманкулов Ерлан, генеральный директор Национального центра биотехнологии

Муканов Касым, заместитель генерального директора Национального центра биотехнологии

Жабагин Максат, заведующий лабораторией генетики человека

Тарлыков Павел, заведующий лабораторией протеомики и масс-спектрометрии

Жолдыбаева Елена, заведующая национальной научной лабораторией биотехнологии коллективного пользования

Шевцов Александр, заведующий лабораторией прикладной генетики

СЕКРЕТАРИАТ:

Дюсенова Жанаргуль, тел: +7 (701) 220 85 59, email: dyussenova@biocenter.kz

РЕГИСТРАЦИЯ:

Регистрация бесплатная.

Ф.И.О. полностью	
Дата рождения	
Страна, город	
Название организации	
Должность, ученая степень (если студент, магистрант или докторант – курс, специальность)	
Номер мобильного телефона	
Адрес электронной почты	
Форма участия (Доклад, постерная сессия, опубликование тезиса, слушатель)	

При отправке Заявки по электронной почте в качестве названия файла просим использовать следующую форму: **Application_Almaz_Akhmetov**, включающую имя и фамилию первого автора на латинице.

ГЕНЕРАЛЬНЫЕ СПОНСОРЫ КОНФЕРЕНЦИИ:

Promega Corporation (США), мировой лидер в производстве реактивов и расходных материалов для работы с ДНК и РНК, и авторизированный дистрибьютор ТОО «Алмалы Гарант»

Планируется проведение практического семинара (информация будет на сайте конференции)

РАЗМЕЩЕНИЕ УЧАСТНИКОВ:

Для зарегистрированных участников конференции в гостиничном комплексе "Думан" действует 40% скидка на все номера (<http://www.hoteldumanastana.com/>)

НАЗВАНИЕ ТЕЗИСА

Авторы

*Аффилиация авторов (организация)*E-mail корреспондент автора**Ключевые слова:** 3-5 слов

Текст тезиса : гарнитура – Times New Roman, кегль 12.

Пример оформления тезиса:**GENE GEOGRAPHY OF THE EURASIAN STEPPE POPULATIONS:
MAIN RESULTS AND PROSPECTS FOR THE FUTURE STUDIES**O. Balanovsky^{1,2}, M. Zhabagin^{1,3}, A. Agdzhoyan², M. Chuhryaeva², I. Teuchezh³, A. Belikova², R. Shalyaho², Zh. Sabitov⁴, Yu. Yusupov⁵, I. Tazhigulova⁶, P. Nymadawa⁷, E. Balanovska²¹Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia),²Research Centre for Medical Genetics, Russian Academy of Medical Sciences (Moscow, Russia)³Center for Life Sciences, Nazarbayev University (Astana, Kazakhstan)⁴Gumilov Eurasian National University (Astana, Kazakhstan)⁵Institute of Humanitarian Research of the Republic of Bashkortostan (Ufa, Russia)⁶Forensic science centre of the Ministry of Justice of the Republic of Kazakhstan (Astana, Kazakhstan)⁷Mongolian Academy of Medical Sciences (Ulaanbaatar, Mongolia)balanovsky@inbox.ru**Key words:** population genetics, gene geography, Y-chromosome, mtDNA, Genome-wide autosomal markers.

The populations dwelling the Eurasian steppe, despite their geographical and anthropological diversity, now belong mainly to the Altaic linguistic family and from genetic point of view represent a continuum of interacting populations. Archeologically this continuum could be traced back to Bronze Age or deeper. The latest great change in it occurred in the beginning of the first millennium AD when Iranic-speaking populations in the western and central segments of the steppe were assimilated by Turkic speaking populations expanding from the east segment. The population history of Eurasian steppe is under intensive investigation of physical anthropologists, archeologists, linguists, and geneticists.

Genetic studies based on classical markers revealed the west-to-east clines across the steppe which might be quite ancient.

Mitochondrial DNA and Y-chromosomal data confirmed that western and eastern edges of the steppe metapopulation belong to contrasting - Western and Eastern Eurasian – gene pools while the main part of metapopulation is of mixed origin. The most impressive result obtained from Y-chromosomal studies is that gene pool of Eurasian steppe population is structured not only by geographical and linguistic factors but mainly reflects the tribal-clan structure of the respective population. We demonstrated this in depth on Altaians, Khakasses, Bashkirs, and Kazakhs, as well as on other steppe populations. Indeed, as far as clans are formed by individuals with claimed shared paternal ancestry, their gene pools should be ideally structured by the Y-chromosome provided that the claimed deep ancestry in most cases corresponds with the biological ancestry. On multiple examples we found that this is indeed the case.

Genome-wide autosomal markers also were applied to the Eurasian steppe populations. Most importantly, their use allows genetically trace and date Turkic expansion from Altai region.

The methods of complete genome analysis not only increases number of used autosomal SNPs compared to genome-wide analysis. Most importantly, the massive resequencing of the Y-chromosome allows to increase phylogenetic and phylogeographic resolution by the order of magnitude. By using this approach we have subdivided the haplogroup C-M217 into dozens subbranches and obtained their frequencies from across the steppe. It allows to clearly trace the medieval Mongolian expansion, as well as earlier population events. Deep phylogenetic and genealogical analysis of haplogroups C and G1 also helped to link some genetic lineages to historical persons which might be their founders and helped to calibrate the Y-chromosomal mutation rate. This rate could be it turn used for genetic dating of demographic expansions and migrations.