

The 16th Norwegian National Genetics Meeting

# Sustainable Genetics: Clinical Utility vs. Genomic Overload

Bærekraftig genetik:  
klinisk nytteverdi vs. genomisk overdose

Scandic Flesland Airport  
Bergen

11.-12. November 2025





Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFØRENING

## CONTENTS

WELCOME.....	3
VELKOMMEN .....	4
SCHEDULE .....	5
INVITED SPEAKERS .....	8
WORKSHOPS.....	13
CONFERENCE DINNER .....	17
INNKALLING TIL ÅRSMØTE 2025, NORSK FORENING FOR MEDISINSK GENETIKK.....	18
INNKALLING TIL ÅRSMØTE I NORSK SELSKAP FOR HUMANGENETIKK .....	20
ABSTRACTS FOR ORAL PRESENTATIONS .....	21
ABSTRACTS FOR POSTERS .....	21
PARTICIPANTS .....	21

Se [NSHG.no](https://www.nshg.no) for nyheter og informasjon om faglige kurs og møter

Vi setter pris på tilbakemeldinger og evaluering av årets møte via [dette skjema](#).



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFORENING

## WELCOME

### **Welcome to the 16th National Meeting in Medical Genetics!**

It is a great pleasure to welcome you to this year's meeting – an important arena for professional exchange, reflection, and collegial connection. In a time of rapidly growing demand for genetic services, both in laboratories and clinical settings, many of us feel the pressure: increasing workloads, packed schedules, and limited resources.

This year's theme, *“Sustainable Genetics: Clinical Utility vs. Genomic Overload”*, addresses some of the difficult choices we face as new and increasingly advanced technologies emerge – without a corresponding increase in available resources. We hope the program will inspire meaningful discussions and offer space to reflect on how we can best balance cost, benefit and necessity in a complex healthcare landscape.

We are proud to present speakers from both Norway and abroad – outstanding professionals who will showcase the breadth of our field, from cutting-edge technologies and population-based studies to the tough prioritizations that characterize publicly funded healthcare systems.

This year, we have placed a strong emphasis on workshops, and we hope everyone will find something relevant and valuable for their own professional development.

We look forward to an engaging, educational, and inspiring meeting – and to connecting with colleagues from across the country.

Warm regards,

The Boards of NFMG and NSHG, the Program Committee, and the Organizers in Bergen



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFORENING

## VELKOMMEN

### **Velkommen til det 16. nasjonale fagmøtet i medisinsk genetikk!**

Det er med stor glede vi ønsker dere velkommen til årets fagmøte – en viktig arena for faglig påfyll, refleksjon og kollegialt fellesskap. Vi står midt i en tid der etterspørselen etter genetiske tjenester øker raskt, både i laboratoriene og i klinikken. Mange av oss kjenner på presset: økende arbeidsmengde, fulle kalendere og begrensede ressurser.

Årets tema, «*Bærekraftig genetikk: Klinisk nytteverdi vs. genomisk overdose*», tar for seg noen av de krevende valgene vi står overfor i møte med stadig mer avansert teknologi – uten tilsvarende økning i ressursene. Vi håper programmet vil inspirere til faglig diskusjon og gi rom for refleksjon rundt hvordan vi best kan balansere kost, nytte og nødvendighet i en kompleks hverdag.

Vi har gleden av å presentere forelesere fra både inn- og utland – fremragende fagpersoner som vil belyse bredden i medisinsk genetikk, fra banebrytende teknologi og befolkningsstudier til de harde prioriteringene som preger offentlig helsetjeneste.

I år har vi også satset stort på workshops, og vi håper alle finner noe som er relevant og nyttig for egen fagutvikling.

Vi ser frem til et engasjerende, lærerikt og inspirerende møte – og til gode samtaler med kolleger fra hele landet.

Med vennlig hilsen

Styrene i NFMG og NSHG, programkomiteen og arrangørene i Bergen

## SCHEDULE

THE 16TH NORWEGIAN NATIONAL GENETICS MEETING  
**Sustainable Genetics: Clinical Utility vs. Genomic Overload**  
Bergen, 11.-12. November 2025

**Day 1: Tuesday 11th November 2025 (English day)**

09:00	Registration and coffee		
10:00	<b>Welcome</b> <i>Asbjørg Stray-Pedersen, Chair, Norwegian Society for Medical Genetics (NFMG)</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
10:05	<b>Use of novel sequencing technologies for the diagnosis of neuromuscular diseases</b> <i>Prof. Andrea Cortese, Department of Neuromuscular Diseases, UCL Queen Square Institute of Neurology, London, UK. University of Milan, C Besta Neurological Institute, Italy. Chair: Eirik Bratland</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
10:35	Q&A		
10:40	<b>Completing the Picture: Long-Read Sequencing, Reference Genomes, and Multi-Omics Strategies in Rare Disease Genomics</b> <i>Prof. Anna Lindstrand, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden Chair: Eirik Bratland</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
11:10	Q&A		
11:15	Short break		
11:25	<b>Presentation of submitted abstracts ("frie foredrag") in English</b> <i>Chair: Gunnar D. Houge</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
	Maren Fridtjofsen Olsen and Helle Høyer	Validation of repeat expansion analysis using ONT long-read sequencing – a collaboration between Sykehuset Telemark and St. Olavs hospital	
	Hildegunn Høberg Vetti	Cumulative Cost Analysis of Skin Surveillance versus Cancer Treatment in <i>CDKN2A</i> - or <i>CDK4</i> -related Familial Melanoma: Insights from the PREVENTABLE Project	
	Martin Prøven Bogsrud	LDL-cholesterol in newborns and children with genetically verified familial hypercholesterolemia: implications for cholesterol-based screening	
11:55	<b>Rare insights from common disorders: Population based studies and childhood growth</b> <i>Prof. Stefan Johanson, University of Bergen Chair: Eirik Bratland</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
12:25	Q&A		

12:30	Lunch		
13:40	<b>PALB2 and Fanconi Anaemia: Bridging Rare Disease and Cancer Genetics</b> <i>Prof. Marc Tischkowitz, University of Cambridge, UK</i> <i>Chair: Hildegunn H. Vetti</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
14:15	Q&A		
14:20	<b>Presentation of submitted abstracts "Elevator pitches"</b> <i>in English</i> <i>Chair: Øystein L. Holla</i> Posternr. 2, 3, 11, 12, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 24, 27		<i>Plenumssal (Golden)</i>
14:50	Coffee break with poster session (even numbers)		
15:25	<b>Workshops</b>		
	Workshop 1	Persontilpasset risikovurdering i kreftgenetik i Norge	<i>Gr.rom (Us)</i>
	Workshop 2	Revidering av nasjonal veileder for kopitallsanalyse	<i>Gr.rom (With)</i>
	Workshop 3	Overgang fra hg37 til hg38	<i>Plenumssal</i>
16:25	Change rooms		
16:30	General Assembly Norwegian Society for Human Genetics (NSHG) <i>in Norwegian</i>		<i>Gr.rom (Us)</i>
17:00	General Assembly Norwegian Society for Medical Genetics (NFMG) <i>in Norwegian</i>		<i>Gr.rom (With)</i>
18:30	Networking dinner		

### Day 2: Wednesday 12th November 2025 (Norwegian day)

08:00	Registrering og kaffe		
08:30	<b>Velkommen</b> <i>Helle Høyer, Leder i Norsk selskap for humangenetik (NSHG)</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
08:35	<b>Når «Kloke valg» ikke er nok – hvordan skal vi prioritere og hvordan finne mening i å måtte si nei?</b> <i>Prof. Ingrid Miljeteig, Universitetet i Bergen</i> <i>Chair: Cathrine Bjorvatn</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
09:10	Q&A		
09:20	<b>Presentation of submitted abstracts ("frie foredrag")</b> <i>in English/Norwegian</i> <i>Chair: Elen Siglen</i>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
	Siv Anette Fjellkårstad	Evaluation of the regulation of genetic testing in the Norwegian Biotechnology Act	
	Helene Kolstad Skovdahl	Testing with a broad panel of genes for hereditary cancer in cancer families leads to detection of unexpected high penetrant variants	

	Benedicte Tolo	SmartFlow: A new clinical care pathway for managing increased demand for genetic testing	
09:50	Kaffepause og postersesjon (oddetall)		
10:30	<b>Workshops</b>		
	Workshop 4	Kloke valg i medisinsk genetikk	<i>Gr.rom (Us)</i>
	Workshop 5	Varianttolkningsverktøy og strategier for varianttolkning	<i>Plenumssal</i>
	Workshop 6	Automatisering og storskalaproduksjon av diagnostiske NGS data	<i>Gr.rom (With)</i>
11:30	Lunsj		
12:30	<b>Workshops</b>		
	Workshop 7	Nye metoder for deteksjon av ekspansjonssykdommer	<i>Plenumssal</i>
	Workshop 8	Digitale verktøy i klinikken – Hvordan jobbe smartere?	<i>Gr.rom (Us)</i>
13:40	<b>Laboratoriernes "Norge Rundt": Bærekraftig genetikk i praksis</b>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
	<i>Chair: Vidar Steen</i>		
	Avd. for medisinsk genetikk, St. Olavs hospital	Marie Lundbæk	
	Seksjon for medisinsk genetikk, Sykehuset Telemark	Sigve Strand Landa	
	Medisinsk genetisk avdeling, Universitetssykehuset i Nord-Norge	Charles Walquist Johannesen og Hilde Yttervik	
	Avd. for medisinsk genetikk, Haukeland universitetssykehus	Andreas Benneche	
	Avd. for medisinsk genetikk, Oslo universitetssykehus	Marie Kollerud og Oriana Guzzardi	
14:40	<b>Prisutdeling og avslutning</b>		<i>Plenumssal (Golden)</i>
	<i>Asbjørg Stray-Pedersen, Helle Høyer, Wenche Sjursen (abstractkomité)</i>		
15:00	Slutt		

## INVITED SPEAKERS

**Dr. Andrea Cortese** is a neurologist and a Professional Research Fellow based at the Department of Neuromuscular Diseases at University College London's Institute of Neurology (Queen Square) and at the University of Milan, C Besta Neurological Institute, in Italy. His work focuses on the genetic basis of neurological and neuromuscular disorders — particularly Charcot-Marie-Tooth disease (CMT), repeat expansion disorders, and the role of non-coding DNA variation in disease.

Dr. Cortese's research has led to the identification of several novel genetic causes of inherited neuropathy, most notably the RFC1 repeat expansion and SORD mutations, which represent major breakthroughs in the field.

At UCL, he leads research on the discovery and modelling of novel genetic mechanisms underlying neurogenetic diseases, combining clinical and translational approaches. He is also an active member of international expert panels on inherited peripheral neuropathies and serves on boards such as the CMTR Board of Directors.

Dr. Cortese has published over 200 publications on neuromuscular genetics. His continuing work aims to translate genetic discoveries into effective therapies for inherited neuropathies and related neurodegenerative disorders.



**Prof. Anna Lindstrand** is a specialist in Clinical Genetics. Director of the Clinical Genetics diagnostic laboratory at Karolinska University Hospital and group leader for Rare Diseases research group at Karolinska Institutet. She is active in Genomic Medicine Sweden (GMS), both as co-chair of GMS - Rare Diseases and a member of the GMS management group.

Annas main areas of research are the study of rare genetic diseases, both clinically and at the molecular level to improve genetic diagnostics, increase knowledge about genotype-phenotype correlations and further understanding of disease biology. Especially interested structural genomic variation, how it forms and how it causes human genetic disease. Detailed characterization of chromosomal rearrangements is performed with a variety of methodologies and next generation sequencing platforms. Findings are functionally validated in induced pluripotent stem cells and zebrafish embryos.



Annas group has pioneered the implementation of WGS-karyotyping or cytogenomics in clinical diagnostics as well as research. They have developed several novel bioinformatic tools for the analysis of structural variants from whole genome sequencing data. The pipelines have been implemented in clinical diagnostic at the Karolinska University Laboratory, increasing the diagnostic yield of WGS based gene panels and trios. Most recently she has evaluated different sequencing technologies, including long read sequencing, to detect and characterize structural variants in rare disease patients.

**Prof. Stefan Johansson** is Professor of human genetics at the Department of Clinical Science, University of Bergen, and Clinical Laboratory Geneticist at the Department of Medical Genetics, Haukeland University Hospital.

He is the leader for the Genomics research Group within the Mohn Research Center for Diabetes Precision Medicine.

Stefan applies large scale genetics methods in patients and healthy individuals to understand how genetic variation influences normal development and how disease develops. He has done pioneering work to establish and

consolidate genetic analysis expertise at three internationally recognized KG Jebsen Centres in Bergen; KGJ Neuropsychiatric research, KGJ Diabetes research and KGJ Autoimmune disorders, and at the Dept of Medical Genetics, Haukeland Univ hospital. His work has led to the identification and publication of novel Mendelian (single gene) disease genes in diabetes and brain related disorders, and the early implementation of new genomic technologies to clinical diagnostics at the Western Health Region of Norway. He has also contributed to and led large scale genetic analyses across a wide range of disorders and traits that have shed light on how our genes shape our susceptibility to diabetes, Addison's disease, obesity and psychiatric disease. During this work, Stefan and his team have had a leading role in establishing large genetic data sets for research in large Norwegian biobanks. This includes the Norwegian Mother, Father and Child study (MoBa) a longitudinal birth cohort study following more than 100 000 children and their parents from pregnancy into adulthood.

Stefan's research in MoBa aims at increasing our understanding of the mechanisms underlying our growth during the first years of life, childhood and adolescence and how it relates to later health and disease. Notably his research has identified a unique set of common genetic variants with strong impact on weight-gain in infancy and early childhood and shown that the genetic control of weight development changes drastically from infancy, to childhood, and into adult life.



**Prof. Marc Tischkowitz** is the Head of Department of Genomic Medicine at the University of Cambridge and Lead Physician for the East Anglian Cancer Genetics Service. He obtained his medical degree from Liverpool University and trained in Oncology and Genetics in the UK. After completing a PhD at Kings College, London, he moved to Canada where he was on Faculty at McGill University for six years before returning to Cambridge in 2011. He has been an author on over 300 publications with a focus on cancer syndromes and hereditary breast cancer predisposition. Beyond this, his interests cover all areas of hereditary cancer with an emphasis on translating the recent advances in genomics technology into clinical practice.



**Prof. Ingrid Miljeteig** er professor i medisinsk etikk, Bergen senter for etikk og prioritering, er utdannet lege og er spesialrådgiver og leder i klinisk etikkomité i Helse Bergen. Hun er også en merittert foreleser ved UiB. Miljeteig har markert seg sterkt i samfunnsdebatten om etiske problemstillinger i helsetjenesten, blant annet knyttet til prioriteringer, dødshjelp, moralsk stress og rettferdig ressursbruk.

Miljeteig er en tydelig stemme i diskusjoner om hvordan helsepersonell må håndtere vanskelige valg i møte med begrensede ressurser. Hun fremhever viktigheten av åpenhet, etisk refleksjon og mot til å prioritere





Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFORENING

**Dr. Ishita Barua** er lege, techgründer og prisvinnende forsker med doktorgrad i kunstig intelligens i medisin. Hun har vært gjesteforsker ved Harvard Medical School og mottok H.M. Kongens gullmedalje i 2024 for sin forskning. Hun er også forfatter av bestselgeren «Kunstig intelligens redder liv» og fast spaltist i E24, hvor hun skriver om teknologi og innovasjon. Barua er førsteamanuensis i KI ved Universitetet i Agder (UiA) og medgründer i Liv Health. Hun har i tillegg blitt kåret til en av Norges 50 fremste tech-kvinner og er på Kapitals liste "40 under 40" - næringslivets nye stjerner i 2025.





## WORKSHOPS

### Workshop 1: Persontilpasset risikovurdering i kreftgenetikk i Norge

*Ledes av: Hildegunn Høberg Vetti og Ida Wiig Sørensen*

I dag henvises mange pasienter som utredes for arvelig kreft i Norge til regelmessige kliniske og/eller radiologiske kontroller – ofte basert på genetiske funn eller tung familiehistorie. Disse kontrollene er ressurskrevende, og i mange tilfeller mangler dokumentasjon på faktisk nytteverdi.

Flere internasjonale fagmiljøer – inkludert NICE (UK), American Cancer Society (USA), ESMO og nasjonale retningslinjer i Sverige og Danmark – anbefaler nå bruk av epidemiologiske risikomodeller i utredningen av arvelig kreft. Slike modeller gjør det mulig å beregne individuell kreftrisiko basert på blant annet familiehistorikk, kliniske risikofaktorer og genotype.

I denne workshopen vil vi:

1. Gå gjennom pasienteksempler for å kartlegge dagens praksis i Norge.
2. Demonstrere hvordan CanRisk/BOADICEA kan brukes som beslutningsstøtte i klinisk arbeid.

### Workshop 2: Revidering av nasjonal veileder for kopitallsanalyse

*Ledes av: Olaug Rødningen og Aleksandra Jadwiga Ratajska*

Den første nasjonale veilederen for matrisebasert kopitallsanalyse kom i 2013, og tok for seg retningslinjer for analyse, klassifisering og rapportering av kopitallsvarianter hos fødte. Fra 2017 omfattet veilederen også prenatale analyser. I de senere årene har mange laboratorier inkludert kopitallsanalyse i WES/WGS som del av sitt analysetilbud, og nye metoder (long read sekvensering, optical genome mapping) er på vei inn i diagnostikken.

I denne workshopen vil de ulike medisinsk-genetiske avdelingene presentere status for kopitallsanalyser (metoder, analyse, klassifisering, utfordringer etc.). Fagmiljøet har i forkant av workshopen sett på rapporteringspraksis for sårbarhetsvarianter (fødte/prenatal), og vil legge fram dette arbeidet. Diskusjoner og innspill på workshopen vil bidra til grunnlag for revidering av veilederen.



### Workshop 3: Overgang fra hg37 til hg38

Ledes av: *Eirini Liampa og Lisa Redford*

Genome Research Consortium (GRC) Human Build 38 (GRCh38) significantly improved the human genome reference by correcting errors, filling gaps, and adding sequences for previously missing regions like centromeres and telomeres. Compared to its predecessor GRCh37, GRCh38 offers enhanced accuracy and completeness that affects variant calling positively. It is also connected to improved annotation resources from which variant interpretation procedures can benefit (for example MANE, gnomAD v4.1). However, even though GRCh37.p13 (the final patch) was published 12 years ago, GRCh37 remains widely used in diagnostics, including at most of the Departments of Medical Genetics in Norway. This can mainly be attributed to the fact that the legacy pipelines were developed and validated using GRCh37 as well as to the copious work required for transition and the lack of validation procedures.

Although transitioning to GRCh38 provides notable benefits for research and clinical applications, this shift is hindered by its impact on a wide array of interconnected systems, workflows, and data pipelines making it essential to carefully map dependencies and plan the transition with care to avoid disruptions and ensure continuity.

Workshop goals:

1. Assess the consequences of transitioning to GRCh38 for the Norwegian community and define collaborative action items across organizations.
2. Establish role-, system- and process-specific strategies to ensure consistency, proper handling, and risk mitigation during the transition.

### Workshop 4: Kloke valg i medisinsk genetikk

Ledes av: *Eirik Tranvåg, Ida W. Sørensen og Linda Mathisen*

Legeforeningens Gjør kloke valg-kampanje ble lansert i 2018 med mål om å redusere overutredning, overdiagnostikk og overbehandling – for å fremme tryggere og mer bærekraftige helsetjenester. Mer er ikke alltid bedre! Det er anslått at 30 prosent av sykehusenes aktivitet har usikker effekt, mens 10 prosent er uten verdi eller til og med skadelig. Bare 60 prosent av tjenestene som tilbys har godt evidensgrunnlag.

24 av Legeforeningens underforeninger har allerede utarbeidet egne anbefalinger, og det samme har flere andre helseprofesjoner. Nå ønsker Norsk forening for medisinsk



genetikk (NFMG) å følge etter. I forkant av workshopen har arbeidsgruppen samlet inn forslag og innspill fra hele det medisinsk-genetiske fagmiljøet. Vi ønsker en åpen og konstruktiv diskusjon, slik at prosessen blir god og anbefalingene fra NFMG får solid faglig forankring og bred støtte.

### Workshop 5: Varianttolkningsverktøy og strategier for varianttolkning

*Ledes av: Ingvild Aukrust, Kristian Tveten og Lena Lachner*

I denne workshopen vil ulike strategier og verktøy for varianttolkning bli presentert, demonstrert og diskutert. Dette vil blant annet inkludere: Tolkning og visualisering av varianter, nytteverdi og begrensning for ulike programvare og verktøy, samt erfaringer med og anvendelse av kunstig intelligens ved tolkning, prioritering og klassifisering av varianter.

### Workshop 6: Automatisering og storskalaproduksjon av diagnostiske NGS data

*Ledes av Beate Skinningsrud og Mari Tinholt*

I workshopen vil det bli en oversikt over hvordan de ulike avdelingene har automatisert sin arbeidsflyt for NGS av diagnostiske prøver. Her kan vi få nyttige tips til forbedringer fra hverandre, men også høre hvilke problemer man støter på ved automatisering.

### Workshop 7: Nye metoder for deteksjon av ekspansjonssykdommer

*Ledes av: Helle Høyer, Siv Anita Hegre, Per Knappskog*

Ekspansjonssykdommer, som skyldes ustabile repeterte DNA-sekvenser, er årsak til en rekke arvelige neurologiske og genetiske tilstander. Tradisjonelle metoder som fragmentanalyse og Southern blot har lenge vært brukt til diagnostikk, men disse teknikkene har begrensninger når det gjelder nøyaktig bestemmelse av ekspansjonsstørrelse, kompleksitet og metyleringsmønstre.

Long-read sekvensering åpner direkte identifikasjon av repeat-lengde, struktur og metyleringsstatus i en analyse noe som gjør teknologien aktuell for diagnostikk av ekspansjonssykdommer.

I denne workshopen presenteres teknologiens potensial, praktiske erfaringer, case-eksempler og diskusjon om implementering i diagnostisk rutine.



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFØRING

## Workshop 8: Digitale verktøy i klinikken – Hvordan jobbe smartere?

*Ledes av: Mona Vetås og Cathrine Bjorvatn*

De siste årene har alle medisinsk-genetiske avdelinger opplevd en betydelig økning i antall henviste pasienter. Dette er både forventet og ønsket, ettersom genetisk utredning spiller en stadig viktigere rolle i valg av behandling. Samtidig vet vi at mange pasienter i spesialisthelsetjenesten har utfordringer med å huske informasjonen de får. Det understreker behovet for digitale verktøy som både kan effektivisere arbeidsprosesser og styrke pasientenes beslutningsgrunnlag.

Denne workshopen er spesielt rettet mot genetiske veiledere og merkantilt personell i klinikken. Vi vil presentere digitale løsninger som kan gjøre hverdagen enklere – både for helsepersonell og pasienter. Har du en idé til hvordan digitale verktøy kan bidra til smartere arbeidsmetoder i klinikken? Da er dette en utmerket anledning til å få tilbakemeldinger, dele erfaringer og delta i en kreativ idedugnad.



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFORENING

## CONFERENCE DINNER

Dinner will be served at 6.30 pm in the same plenary hall we have been using for the meeting. The bar opens at 5 pm.

### **Menu**

#### *Starter*

Creamy cauliflower soup with pickled summer truffles, crispy bacon, cauliflower florets, breadcrumbs and chives

*Contains: M, G (hvete, rug)*

#### *Main course*

Fried halibut with potato cream with semi-dried tomatoes and spinach. Baked Jerusalem artichokes and sauce vierge

*Contains: F, M, Su*

#### *Dessert*

Chocolate confectionery cake with caramel fudge and rhubarb sorbet

*Contains: E, M, G (hvete)*



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFORENING

## INNKALLING TIL ÅRSMØTE 2025, NORSK FORENING FOR MEDISINSK GENETIKK

Det kalles med dette inn til ordinært årsmøte i foreningen.

Møtested: Scandic Flesland Airport Hotel, Bergen

Møtetid: Tirsdag 11. november 2025, kl.17:00-18:00.

### Dagsorden

1. Godkjenning av innkalling til årsmøte 2025
2. Godkjenning av dagsorden
3. Valg av to protokollførere
4. Godkjenning av protokoll fra årsmøte 2024
5. Gjennomgang av årsregnskap for 2024 v/kasserer Ognjen Bojovic
6. Gjennomgang av budsjett 2025 v/kasserer Ognjen Bojovic
7. Gjennomgang av Styrets årsmelding 2025 v/leder NFMG
8. Gjennomgang av spesialitetskomiteens årsmelding v/leder spesialitetskomiteen
9. Fagmøte 2025
10. Fagmøte 2026
11. Programkomité til neste års fagmøte 2026.
12. Valg av styremedlemmer til NFMG
13. NFMGs pris for beste artikkel med LIS som førsteforfatter
14. Priser og møtestøtte faglig arrangement
15. Eventuelt

**Alle medlemmer ønskes velkommen til møtet.**



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFØRENING

Vi gjør oppmerksom på at andre saker som ønskes tatt opp på årsmøtet må meldes skriftlig, gjerne e-post, senest 2 uker før årsmøtet. Saker av mindre betydning (herunder orienteringssaker) kan tas opp under eventuelt. Forslag om vedtektsendringer må være innsendt minst 2 måneder før årsmøtet, og være utsendt til medlemmene 4 uker før årsmøtet.

Vennlig hilsen

**Styret i NFMG:**

Charlotte von der Lippe (nestleder),

Linda Mathisen (webansvarlig).

Ognjen Bojovic (kasserer),

Gry Hoem (sekretær, tidl. LIS-representant),

Katinka Korset (LIS-representant),

Asbjørg Stray-Pedersen (leder)



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFØRENING

## INNKALLING TIL ÅRSMØTE I NORSK SELSKAP FOR HUMANGENETIKK

Til medlemmer av Norsk Selskap for Humangenetikk (NSHG)

### **Innkalling til årsmøte i NSHG 11. november 2025**

Det kalles med dette inn til ordinært årsmøte i foreningen.

Sted: Scandic Flesland Airport Hotel, Bergen

Tid: Tirsdag 11. November 2025, 16.30-17.00

### **Dagsorden:**

- 1) Godkjenning av innkalling/dagsorden
- 2) Valg av møteleder og referent
- 3) Godkjenning av referat fra årsmøtet 2024
- 4) Styrets årsmelding med regnskap v/ Helle Høyer og Jorunn Hjaltadottir
- 5) Fastsetting av kommende års innbetaling av NSHG/ESHG medlemskap v/ Jorunn Hjaltadottir
- 6) Forslag om å opprette en årlig søkbar støtteordning (NOK 25 000) for NSHG sine medlemmer til faglige arrangementer innen klinisk genetikk og molekylærgenetikk.
- 7) Behandling av innkomne saker
- 8) Valg

Helle Høyer

Styreleder NSHG



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFORENING

## ABSTRACTS FOR ORAL PRESENTATIONS

Abstracts only available in distributed version of the programme. Please contact [atle.brendehaug@helse-bergen.no](mailto:atle.brendehaug@helse-bergen.no) for more information or access to the full version.

## ABSTRACTS FOR POSTERS

Abstracts only available in distributed version of the programme. Please contact [atle.brendehaug@helse-bergen.no](mailto:atle.brendehaug@helse-bergen.no) for more information or access to the full version

## PARTICIPANTS

List of participants only available in distributed version of the programme. Please contact [atle.brendehaug@helse-bergen.no](mailto:atle.brendehaug@helse-bergen.no) for more information or access to the full version

Se [NSHG.no](http://NSHG.no) for nyheter og informasjon om faglige kurs og møter

Vi setter pris på tilbakemeldinger og evaluering av årets møte via [dette skjema](#).



Norsk forening for  
medisinsk genetikk  
DEN NORSKE LEGEFORENING

**Welcome back to**  
**THE 17<sup>TH</sup> NORWEGIAN NATIONAL GENETICS MEETING**  
**Trondheim, 4.-5. November 2026**

Se [NSHG.no](https://www.nshg.no) for nyheter og informasjon om faglige kurs og møter