

## Szanowni Państwo!

Z uwagi na przełomowe produkty, które koncern Illumina zaproponował swoim klientom w pierwszych tygodniach 2014 roku zdecydowaliśmy się przygotować wydanie specjalne newslettera. Przedstawiamy w nim Państwu informacje na temat przyjaznego użytkownikowi i uniwersalnego z punktu widzenia zastosowań **sekwentora NextSeq 500**. Opisujemy także **system HiSeq X Ten**, czyli platformę NGS o niespotykanej dotąd przepustowości, która pozwala prowadzić szeroko zakrojone badania populacyjne i daje możliwość obniżenia kosztów sekwencjonowania pojedynczego genomu ludzkiego do poziomu 1 000 USD.

Tradycyjnie w drugiej części newslettera umieszczamy kalendarium wydarzeń związanych tematycznie z genetyką, biologią molekularną i biologią komórki. Obok informacji o międzynarodowych kongresach i lokalnych konferencjach znajdziecie Państwo zaproszenia na bezpłatne seminaria on-line Illumina, a także na dwudniowy kurs praktyczny stanowiący wprowadzenie do sekwencjonowania w technologii SBS z wykorzystaniem aparatu MiSeq.

Życzymy Państwu przyjemnej lektury,

Zespół OpenExome

### Produkty - ważne informacje

[NeqSeq500](#)

[HiSeqX Ten](#)

[Sequencing platform  
comparison tool](#)

### Fakty i wydarzenia

[Warsztaty MiSeq:  
Making Sense of My Data](#)

[Seminaria on-line w lutym](#)

[Kalendarium konferencji](#)

## Nowe systemy do sekwencjonowania w ofercie Illumina

### NextSeq 500 - intuicyjna obsługa sekwentora, skalowalna wydajność reakcji i szeroka gama aplikacji NGS



NextSeq 500 to pierwszy personalny sekwentor o dużej przepustowości. Pozwala na sekwencjonowanie genomów, egzomów i transkryptomów z wydajnością nawet do 120Gb w pojedynczej reakcji. Nieskomplikowany w obsłudze NextSeq 500 zapewnia szybkość wykonania analizy oraz dostępność kosztową porównywalną z dotychczas dostępnymi personalnymi systemami NGS. System NextSeq 500 umożliwia wykonanie wszystkich aplikacji NGS, w tym sekwencjonowania egzomów, genomów oraz transkryptomów w pojedynczej reakcji. Aparat nie wymaga specjalistycznego sprzętu dodatkowego. NextSeq 500 to system umożliwiający wykonywanie wysoko- i niskoprzepustowych aplikacji w laboratorium nie posiadającym dużego doświadczenia w sekwencjonowaniu. NextSeq 500 to pierwszy i jedyny sekwentor DNA i RNA pozwalający na analizę aplikacji wysokoprzepustowych gwarantujący łatwość i intuicyjność obsługi analogiczną jak w przypadku sekwentorów personalnych.

Oprogramowanie sterujące działaniem NextSeq 500 jest w pełni zintegrowane z aplikacjami dedykowanymi do projektowania doświadczeń, przechowywania danych czy też obróbki wyników uzyskanych podczas reakcji sekwencjonowania. Więcej informacji na temat oprogramowania znajduje się [tutaj](#). Szczegółowy opis NextSeq 500 zawiera [brochure](#).

## HiSeq X Ten - niezrównana moc sekwencjonowania populacyjnego i ekstremalna wydajność

System HiSeq X Ten to najpotężniejsza platforma NGS jaka kiedykolwiek powstała, pozwalająca na sekwencjonowanie wielkoskalowe. Zaprojektowano ją z myślą o sekwencjonowaniu ludzkich genomów w skali populacyjnej i zamiarem obniżenia kosztów badań poniżej 1 000 USD za 1 genom. Platforma składa się z 10 ultrawydajnych sekwenatorów HiSeq X, które pozwalają łącznie sekwencjonować ponad 18 tysięcy genomów rocznie z pokryciem sekwencji nie mniejszym niż 30x.

HiSeq X Ten wydaje się być idealnym rozwiązaniem dla centrów genomowych oraz laboratoriów pracujących w dziedzinie genetyki populacyjnej. Szczegółowe informacje na temat HiSeq X Ten opisano w [broszurze](#).



## Porównanie parametrów technicznych oraz możliwych zastosowań systemów NGS firmy Illumina

Zachęcamy do przyjrzenia się zestawieniu kluczowych parametrów sekwenatorów następnej generacji, które oferuje koncern Illumina. W doborze właściwego systemu NGS do planowanego projektu badawczego lub testu diagnostycznego pomocna będzie również aplikacja pozwalająca na szczegółowe porównanie właściwości platform NGS, która znajduje się [tutaj](#).

	MiSeq	Next Seq 500		HiSeq 2500		HiSeq X
						
<b>poolecany do sekwencjonowania</b>	małych genomów, ampliconów, z wykorzystaniem paneli genowych	m. in. genomów, egzomów, transkryptomów		genomów, egzomów, transkryptomów na skalę usługową		genomów, egzomów, transkryptomów w skali populacyjnej
<b>tryb pracy</b>	n/d	Mid-Output	High-Output	Rapid Run	High-Output	n/d
<b>liczba komórek przepływowych na pojedynczą reakcję</b>	1	1	1	1 lub 2	1 lub 2	1 lub 2
<b>zakres przepustowości</b>	0,3-15 Gb	20-39 Gb	30-120 Gb	10-180 Gb	50-1000 Gb	1,6-1,8 Tb
<b>czas trwania reakcji</b>	5-65 godz.	15-26 godz.	12-30 godz.	7-40 godz.	< 1-6 dni	< 3 dni
<b>liczba odczytów w jednej komórce przepływowej</b>	25 milionów	130 milionów	400 milionów	300 milionów	3 miliardy	3 miliardy
<b>maksymalna długość odczytu</b>	2x300 bp	2x150 bp	2x150 bp	2x150 bp	2x125 bp	2x150 bp

### Przypominamy o terminach zbliżających się ...

#### ... praktycznych dwudniowych szkoleń prowadzonych w Cambridge

Istnieje możliwość uczestniczenia w odpłatnych szkoleniach praktycznych prowadzonych przez trenerów z firmy Illumina. W najbliższym czasie planowane są dwie edycje kursu **"MiSeq: Making Sense of My Data"**, do wyboru terminy: 11-12 lutego 2014 lub 14-15 maja 2014.

Obok wprowadzenia teoretycznego obejmującego postawy technologii sekwencjonowania przez syntezę (SBS), zasadę działania sekwenatora, reguły planowania doświadczeń pod konkretne aplikacje oraz pierwotną analizę uzyskanych wyników, uczestnicy szkolenia wykonują praktyczne ćwiczenia z wykorzystaniem systemu MiSeq.

Zachęcamy do wzięcia udziału w szkoleniu. [Program szkolenia i rejestracja uczestników.](#)

### ... seminariów on-line (tzw. webinars) prowadzonych przez specjalistów aplikacyjnych firmy Illumina:

Illumina prowadzi szkolenia on-line dotyczące prowadzenia badań z wykorzystaniem technologii sekwencjonowania następnej generacji oraz mikromacierzy.

W lutym zespół specjalistów aplikacyjnych Illumina proponuje następujące zagadnienia:

- strategia doświadczeń typu multipleks i dobór kombinacji indeksów na potrzeby pulowania bibliotek
- właściwe planowanie eksperymentu oraz ustawień parametrów reakcji sekwencjonowania - omówienie aplikacji Illumina Experiment Manager (IEM)
- ocena przebiegu i jakości reakcji sekwencjonowania z wykorzystaniem Sequence Analysis Viewer (SAV)
- wprowadzenie do analizy danych uzyskanych w wyniku reakcji NGS
- Infinium Methylation Analysis - narzędzie do badania procesów epigenetycznych

Uczestnictwo w seminariach (webinarach) Illumina wymaga dostępu do internetu oraz aktywnego połączenia telefonicznego (połączenie bezpłatne). Aby wziąć udział w danym seminarium należy dokonać uprzedniej rejestracji drogą elektroniczną. Kompletną listę lutowych seminariów oraz linki rejestracyjne znajdziecie Państwo na stronach Illumina:

<http://support.illumina.com/training/sequencing.ilmn>

<http://support.illumina.com/training/array.ilmn>

### ... konferencji i sympozjów w Polsce:

#### **CrimeLab - III Międzynarodowe Targi Techniki Kryminalistycznej**

12-14.03.2014. Warszawa

[link](#)

#### **IX Multidyscyplinarna Konferencja Nauki o Leku**

12-14.05.2014. Korytnica k/Szydłowa, Hotel Cztery Wiatry

[link](#)

### ... konferencji zagranicznych:

#### **Advances in Genome Biology and Technology (AGBT)**

12-15.02.2014. Marco Island, Floryda, USA

[link](#)

#### **Omics meets Cell Biology: Applications to human Health and Disease**

18-23.02.2014. Taos, New Mexico, USA

[link](#)

#### **Mobile Genetic Elements and Genome Evolution**

9-14.03.2014. Santa Fe, New Mexico, USA

[link](#)

#### **Big Data in Biology**

23-25.03.2014. San Francisco, California, USA

[link](#)

#### **Epigenetic Programming and Inheritance**

6-10.04.2014. Taos, Boston, Massachusetts, USA

[link](#)

## Komentarze i opinie czytelników newslettera

Drodzy Czytelnicy! Będziemy wdzięczni jeśli zechcecie podzielić się z nami swoimi opiniami dotyczącymi newslettera OpenExome. Jeśli nasuwają się Państwu komentarze na temat treści kolejnych wydań newslettera lub sugestie tematów, które warto poruszyć w tym periodyku, prosimy o przesyłanie ich na adres: [community@openexome.pl](mailto:community@openexome.pl).

