

Szanowni Państwo!



W tym miesiącu postanowiliśmy pochylić się nad możliwościami analizy genomu, transkryptomu, metylomu pojedynczych komórek i podpowiadamy wybór najnowszych prac podsumowujących projekty epigenetyczne oraz artykułów przeglądowych dotyczących tej tematyki.

Marcowe wydanie newslettera obfituje również w opis nowych urządzeń do sekwencjonowania oraz zestawów odczynników, które producenci przygotowali z początkiem 2015 roku. Dodatkowo proponujemy Państwu udział w konkursie znajomości odczynników Epicentre.

W stałych rubrykach tradycyjnie informujemy o zbliżających się konferencjach i sympozjach tematycznych. Znajdziecie w nich Państwo również tematy seminariów on-line Illumina, które odbędą się w najbliższych tygodniach.

Życzymy przyjemnej lektury i czekamy na propozycje zagadnień, które Państwa zdaniem powinny znaleźć się w kolejnych wydaniach naszego periodyku.

Zespół OpenExome

Rozważania na temat single-cell genomics

Badania na pojedynczych komórkach a rozwój medycyny

Zachęcamy Państwa do zastanowienia się nad tym, czy badanie procesów biologicznych na poziomie pojedynczej komórki rzeczywiście przynosi odpowiedzi od dawna poszukiwane przez diagnostów klinicystów, terapeutów czy mikrobiologów. Naszym zdaniem doskonałą podstawą do tych rozważań jest praca przeglądowa opublikowana przez dr Westbrook Wavera i współpracowników z laboratorium Biotechnologii Mikroprzepływowej Uniwersytetu Kalifornijskiego na łamach Current Opinion in Biotechnology. Autorzy wspomnianego artykułu przekonują, że w wielu przypadkach za patologiczne funkcjonowanie lub/i wygląd danej tkanki odpowiada jedynie ułamek procenta budujących go komórek. I to właśnie w tej znikomej frakcji komórek dochodzi do uszkodzenia DNA, syntezy białka o nieprawidłowej budowie czy zaburzenia określonego szlaku przekazywania sygnału. A w konsekwencji te pozornie drobne zmiany rozpoczynają lawinę nieprawidłowości w zbiorze rozmaitych komórek budujących daną tkankę, co może spowodować bardzo poważne konsekwencje dla całego organizmu.

Wydarzenia

[KONKURS Z NAGRODAMI
tylko dla czytelników newslettera](#)

[Tematy webinarów on-line](#)

[Kalendarz konferencji](#)

Nowości

[MiSeq FGx i NGS dla genetyki sądowej](#)

[NextSeq550](#)

[HiSeq X Five, HiSeq 3000 i HiSeq4000](#)

[Polaris i funkcjonalne badania
pojedynczych komórek](#)

[ADH MASTR v2](#)

[Nowy test NIPT \(13,18,21, X\) Multiplicom](#)

W kolejnych rozdziałach artykułu wskazywane są przykłady dziedzin medycyny i biologii (w tym onkologia, immunologia, neurobiologia, medycyna regeneracyjna nakierowana na wykorzystanie komórek macierzystych czy mikrobiologia), w których stosuje się już technologie nanoprzepływowe pozwalające separować pojedyncze komórki oraz narzędzia biologii molekularnej umożliwiające pozyskiwanie i badanie materiału genetycznego lub białek obecnych w pojedynczych komórkach. Autorzy pragną pozostawić czytelnika z konkluzją, że świadomość wysokiej różnorodności komórek budujących pozornie monolitowe struktury organizmów żywych powinna zachęcić badaczy do zgłębiania procesów przebiegających w indywidualnych komórkach. Dopiero statystyki przygotowane z danych dotyczących indywidualnych komórek dają pełen obraz całej ich populacji i pozwalają na lepszy opis procesów patogennych przebiegających w tkankach.

Źródło: Pubmed, PMID: 24484889

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3912466/pdf/nihms533784.pdf>

Sekwencjonowanie metylomu indywidualnych komórek - już możliwe

Na stoliki w pokojach socjalnych Państwa laboratoriów podrzucilibyśmy też pracę autorstwa Sebastien Smallwood, który wraz z grupą badaczy z Instytutów Badawczych oraz Uniwersytetu w Cambridge podsumowuje doświadczenia związane z analizą metylomu pojedynczych komórek. Praca ukazała się w sierpniu 2014 na łamach Nature Methods i opisuje nowatorskie podejście do badań epigenetycznych, które badacze z Wielkiej Brytanii przeprowadzali na komórkach macierzystych embrionów mysich. Badacze udowadniają, że wielkoskalowa analiza modyfikacji DNA w pojedynczych komórkach jest możliwa do przeprowadzenia i opisują kolejne kroki pozyskiwania komórek oraz przygotowania bibliotek do metody WGBS. Podsumowując pracę stwierdzają, że zoptymalizowali protokół, który pozwala dość precyzyjnie oceniać poziom metylacji 5mC w poszczególnych komórkach i na tej podstawie wnioskować o wpływie tych modyfikacji na proces różnicowania komórek w populacji.

Źródło: Pubmed, PMID: 25042786

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4117646/pdf/emss-59406.pdf>

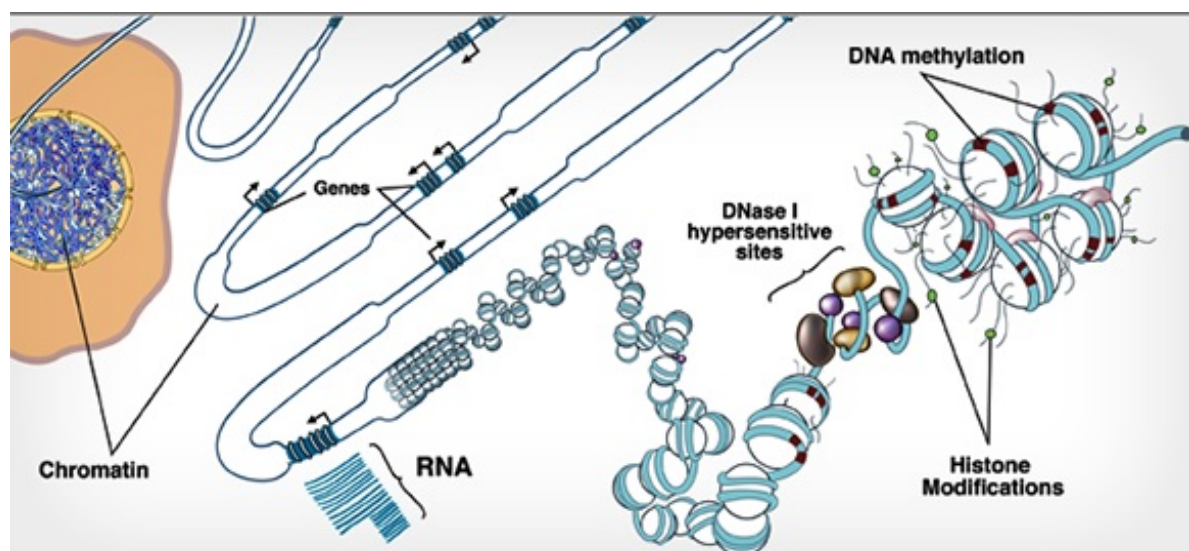
Badania epigenetyczne indywidualnych komórek

Dobrym uzupełnieniem niniejszego prasy branżowej wydaje się być praca przeglądowa napisana przez zespół Soloway Laboratory z amerykańskiego Cornell University. Jej autorzy wychodząc od definicji epigenetyki i epigenomiki wskazują popularne obecnie cele kierunki badań, a następnie przedstawiają kolejne metody pomocne w identyfikacji miejsc metylacji czy acetytacji chromatyny oraz w badaniu dynamiki zmian tych modyfikacji. Pracownicy Soloway Laboratory mają nadzieję, że nieustanne udoskonalanie protokołów badań wykorzystujących technologie single-cell genomics czy NGS przyspieszą także tempo realizacji projektów epigenetycznych.

Źródło: Pubmed, PMID: 25204781

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S146202314002825>

Podsumowanie prac NIH Roadmap Epigenetic Consortium w lutym wydaniu Nature



Polecamy Państwu gorąco odwiedzenie strony internetowej założonego w 2008 konsorcjum Roadmap Epigenetic Project NIH, którego celem jest jak najpełniejsza charakterystyka epigenomu człowieka. Siedem lat badań prowadzonych równocześnie w kilku ośrodkach naukowych w Stanach Zjednoczonych zaowocowało opracowaniem szeregu protokołów analiz i ogromem danych na temat regulacji ekspresji genów. W ostatnim wydaniu Nature znajdziecie również Państwo artykuł podsumowujący jeden z etapów pracy konsorcjum, mający na celu opisanie referencyjnych epigenomów człowieka. Praca przedstawia interesujące zestawienia danych uzyskanych podczas analizy szeregu tkanek i pierwotnych linii komórkowych człowieka. Wydaje nam się, że to lektura obowiązkowa dla osób, które zglębiają procesy translacji i regulacji ekspresji genów.

Źródła: Pubmed, PMID: 25693563

<http://www.nature.com/nature/journal/v518/n7539/pdf/nature14248.pdf>

<http://www.roadmapepigenomics.org>

Konkurs z nagrodami

Zapewne wiecie Państwo, że renomowany producent odczynników do biologii molekularnej firma w Epicentre pod koniec 2011 roku dołączyła do grupy kapitałowej Illumina. Obecnie finalizowana jest konsolidacja katalogu odczynników, a co za tym idzie wybrane odczynniki Epicentre ściśle związane z analizami NGS od marca 2015 będą nosiły zmienioną nazwę, będą oznakowane logo Illumina, a ich opis zostanie przeniesiony na stronę internetową Illumina.

Dotyczy to m.in. produktów:

- ARTseq Ribosome Profiling Kit – obecnie występuje pod nazwą TruSeq Ribo Profile Kit
- EpiGnome Methyl Seq Kit - obecnie nazwane TruSeq DNA Methylation Kit
- Ribo-Zero Kits



W związku z powyższym firmy Analitik i OpenExome zachęcają Państwa do przyjrzenia się ofercie odczynnikowej Illumina/Epicentre i jednocześnie zapraszają do wzięcia udziału w konkursie. Wystarczy poświęcić kilka minut i odpowiedzieć na poniższe pytania:

1. Quick Extract czy Master Pure, którą grupę produktów do oczyszczania kwasów nukleinowych z prób biologicznych należy wybrać, jeśli docelowo planowana jest analiza metodą sekwencjonowania następnej generacji?
2. Jaką nazwę nosi obecnie EpiGnome Methyl Seq - zestaw do przygotowania bibliotek na potrzeby analizy metylowanego DNA?
3. Do czego służy grupa produktów o nazwie Ribo-Zero?
4. Czy przygotowanie bibliotek RNA-Seq w oparciu o odczynniki SuperScript Complete uwzględni etap usunięcia sekwencji rybosomalnego RNA z próby?
5. Czy możliwe jest przygotowanie bibliotek do RNA-Seq zawierających jedynie nici RNA aktywne transkrypcyjnie?

Trzy pierwsze osoby, które prześlą komplet prawidłowych odpowiedzi na adres community@openexome.pl otrzymają nagrodę - zestaw odczynników do optymalizacji reakcji PCR, FailSafe System.

Informacje od partnerów OpenExome

Illumina

MiSeq FGx i ForenSeq DNA Signature Library Prep – innowacyjne rozwiązanie dla genetyków sądowych

MiSeq FGX™ jest pierwszym na rynku sekwenatorem NGS zaprojektowanym i w pełni zwalidowanym specjalnie dla aplikacji z dziedziny genomiki sądowej. Na system MiSeq FGX™ składa się sekwenator, dedykowane oprogramowanie analityczne oraz specjalne odczynniki do przygotowywania bibliotek i sekwencjonowania. Całość tworzy kompletne gotowe rozwiązanie „od próbki do odpowiedzi”, dające możliwość analizy zarówno rutynowych jak i wymagających próbek kryminalistycznych.



Podstawowe cechy i zalety systemu MiSeq FGX™:

- kompletny system "wszystko w jednym" i ujednolicony protokół, czyli:
 - maksymalna ilość informacji genetycznej z ilościowo najmniejszej próbki
 - połączenie odczytów STR i SNP w jednym teście – większa skuteczność identyfikacji przy zachowaniu zgodności z obecną globalną bazą danych STR
- kompleksowa analiza w jednej reakcji i eliminacja skomplikowanej ścieżki decyzyjnej podczas analizy
 - skrócenie i ułatwienie programów szkoleniowych, walidacji QA/QC i badań biegłości
- możliwie najkrótsze amplikony dla markerów STR oraz duży panel SNP w amplikonach, których długość w większości nie przekracza 100 pz, czyli:
 - większa ilość danych dyskryminacyjnych, możliwych do uzyskania z próbek zawierających zdegradowane DNA lub silne inhibitory amplifikacji
- szersze możliwości identyfikacji prób w mieszkankach dzięki połączeniu większej liczby markerów z naturalną czułością technologii sekwencjonowania Illumina, czyli:
 - znacznie lepsza zdolność do wykrywania w mieszaninach składników śladowych, które mogłyby nie zostać wykryte tradycyjną analizą STR i elektroforezą kapilarną
- nowe ścieżki dochodzeniowe w sprawach bez podejrzanego:
 - postęp i potencjalne rozwiązanie spraw, w których wcześniejsze konwencjonalne śledztwa i odniesienia do kryminalistycznych baz danych nie pozwoliło na identyfikację podejrzanego

Podstawowe aplikacje systemu MiSeq FGX™ w genetyce sądowej:

- testowanie DNA w postępowaniach karnych i dochodzeniach kryminalistycznych
- profilowanie DNA dla potrzeb kryminalistycznych baz danych
- analizy DNA mitochondrialnego w badaniach identyfikacyjnych osób zaginionych
- identyfikacja ofiar katastrof

ForenSeq DNA Signature Prep Kit

Kluczowym etapem protokołu jest przygotowanie próbek do sekwencjonowania. Zestaw ForenSeq DNA Signature Prep Kit obejmuje wszystkie odczynniki niezbędne do stworzenia bibliotek do sekwencjonowania kryminalistycznych próbek DNA. Zestaw stworzono tak, aby wysoka rozdzielczość i wyjątkowa dokładność odczytów wykonanych dla złożonych mieszanin lub zdegradowanego DNA była osiągalna także dla próbek pozyskanych w śladowych ilościach – już od 1 ng DNA.

Zestaw w połączeniu z dedykowaną chemią do sekwencjonowania umożliwia laboratorium pełną analizę trudnych i śladowych próbek przy dostępie do szerokiej gamy informatywnych STR i SNP w jednym zestawie. Analiza jest szybka i dzięki multipleksowaniu próbek, zapewnia dużą przepustowość systemu.

Podstawowe aplikacje systemu MiSeq FGX™ w genetyce sądowej:

- jednoczesne przygotowanie 96 próbek w prostym, płytkowym formacie
- wymagane standardowe wyposażenie laboratorium
- mieszanki primerów ukierunkowane na analizy sekwencji STR autosomalnych i chromosomów płciowych oraz SNP związanych z identyfikacją tożsamości, w jednej reakcji
- opcjonalne rozszerzenie panelu SNP dla cech pochodzenia biogeograficznego (ancestry-informative SNPs, aiSNPs) oraz cech fenotypowych (phenotypic-informative SNPs, piSNPs)
- łącznie ponad 200 markerów (tabela)

Feature	Number of Markers ^a
Global Autosomal STRs	27
Y-STRs	24
X-STRs	7
Identity SNPs	95
Phenotypic SNPs	22
Biogeographical Ancestry SNPs	56
Total Number of Loci ^b	> 200

[Szczegółowe informacje](#)

[Click here to see how NGS is transforming forensic science](#)

NextSeq500 – sekwenator NGS z możliwością skanowania mikromacierzy

W styczniu 2015 Illumina ogłosiła premierę systemu NextSeq 550, aparatu łączącego dotychczasowe możliwości standardowego systemu NextSeq 500 i narzędzia do skanowania mikromacierzy. Poprzez dodanie opcji skanera laboratoria wykorzystujące system uzyskają dostęp do komplementarnej i wciąż szeroko stosowanej technologii mikromacierzowej.

NextSeq550 będzie od razu zintegrowany z powszechnie znanym oprogramowaniem BlueFuse wykorzystywanym do analiz genetycznych w diagnostyce preimplantacyjnej. Zakres możliwości aplikacyjnych systemu NextSeq 550 to oprócz zdrowia reprodukcyjnego również ogólna diagnostyka genetyczna oraz diagnostyka i badania naukowe z zakresu onkologii i hematologii. Z chwilą oficjalnej premiery system NextSeq 550 jest dostępny do zamówienia.

Pierwsze aplikacje kompatybilne z systemem NextSeq 550 to przede wszystkim macierze dedykowane do badań cytogenetycznych oraz te przeznaczone do genetycznej diagnostyki preimplantacyjnej (PGD).



Array adapter for NextSeq 500

[Więcej informacji na temat NextSeq500 oraz najnowszego Nextseq500](#)

HiSeq X Five, HiSeq3000 HiSeq 4000 - nowe sekwenatory wysokoprzepustowe już dostępne

Kolejne nowe systemy do sekwencjonowania firmy Illumina wprowadzone na rynek z początkiem 2015 roku to: HiSeq X Five oraz HiSeq 3000 i HiSeq 4000. Stanowią one kolejne kroki na drodze wzrostu przepustowości systemów przy jednoczesnym spadku kosztów analizy.

Po premierze systemu HiSeq X Ten w 2014, system HiSeq X Five to rozwiązanie dla laboratoriów zainteresowanych technologią HiSeq X ale na mniejszą skalę. System HiSeq X Five składający się z pięciu niezależnych urządzeń HiSeq X, umożliwi wdrożenie sekwencjonowania genomu człowieka na skalę populacyjną przy niższym poziomie inwestycji ale wciąż na atrakcyjnym poziomie ceny za genom. Przy pełnym wykorzystaniu przepustowości 5 urządzeń HiSeq X analizuje ponad 9000 genomów rocznie. Głównym celem wprowadzenia systemu jest adaptacja sekwencjonowania genomu człowieka na szeroką skalę w mniejszych ośrodkach tym zainteresowanych.

Sztandarowy system HiSeq 2500 także doczekał kolejnych wersji. W wyniku połączenia systemu HiSeq 2500 oraz innowacyjnej technologii uporządkowanych flow cell (ang. patterned flow cell technology) stworzonej dla systemów HiSeq X, skonstruowano systemy HiSeq 3000 oraz HiSeq 4000 charakteryzujące się znacznie większą szybkością analizy oraz tym samym zakresem aplikacji, co system HiSeq 2500. Nowa technologia uprządkowania flow cell powoduje, że system HiSeq 3000 (wykorzystujący 1 flow cell) oraz HiSeq 4000 (wykorzystujący 2 flow cell) wkraczają na nowy niedostępny dotychczas poziom przepustowości przy znacznie niższym koszcie za analizę w stosunku do HiSeq 2500. I tak system HiSeq 4000 może analizować w trakcie jednego cyklu pracy:

- do 12 genomów
- do 100 pełnych transkryptomów
- lub do 180 egzomów



[Porównanie możliwości wybranych systemów](#)

Fluidigm

Polaris - nowy system do funkcjonalnej analizy pojedynczych komórek

Selekcja i hodowla w kontrolowanych warunkach jest już możliwa na pokładzie jednego aparatu! Jest nim system Polaris firmy Fluidigm.

Dzięki zastosowaniu nowego typu czipów IFC (Integrated Fluidic Circuits) system umożliwia aktywną selekcję i izolację pojedynczych komórek z heterogenicznej grupy komórek wyjściowych. Po aktywnej selekcji (opartej o reakcję barwnikową a nie selekcję rozmiaru komórek) pojedyncze komórki przechowywane są in vivo w pełni kontrolowanych warunkach w jednej z 48 komór płytki IFC. Selekcja może być prowadzona w sposób ciągły z grupy 64 komórek wyjściowych (o rozmiarach 5-25µm) aż do kompletnego zapełnienia wszystkich 48 komór docelowych. Komory umożliwiają przechowywanie komórek do 24h w warunkach kontrolowanego przepływu mediów, gazów, temperatury i wilgotności. Tak wyłapane komórki poddawane są kontrolowanemu wpływowi maksymalnie 6 różnych, dowolnie determinowanych czynników, w zależności od typu prowadzonego eksperymentu. Czynnikiem analizy może być 6 różnych czasów ekspozycji, 6 różnych typów substancji czynnych (np. leków), 6 różnych dawek etc. Warunki, dawki i czas trwania ekspozycji są w pełni kontrolowane. Następnie komórki automatycznie poddawane są lizie i system przygotowuje matrycę do analizy ekspresji mRNA w drodze sekwencjonowania NGS.

Cechy systemu polaris otwierają nowe możliwości łatwiejszego dostępu do różnorodnych analiz. na przykład umożliwiają badanie rzadkich komórek w szlaku onkologicznym, neurobiologicznym (np. badanie chorób neurodegeneracyjnych, odpowiedzi neuronalnej), immunologicznym (studia funkcjonalne) etc.

[Więcej informacji na stronie producenta](#)



Multiplicom

ADH MASTR v2 - rozbudowany panel genowy już dostępny

Belgijski koncern Multiplicom, producent paneli MASTR służących do przygotowywania klinicznych bibliotek NGS ogłosił właśnie rozszerzenie panelu ADH MASTR o piąty multipleks.

ADH MASTR v2 – to znane już Państwu, a teraz rozszerzone o nowe możliwości, narzędzie pozwalające na prowadzenie oceny genetycznych predyspozycji pacjenta do hipercholesterolemii, która pośrednio pozwala przewidzieć skłonność do miażdżycy oraz przedwczesnych problemów z układem krążenia. ADH, to rodzinna hipercholesterolemia dziedziczona w sposób autosomalny dominujący.

Panel ADH MASTR v2 pozwala na przygotowanie biblioteki obejmującej regiony kodujące i promotorowe genów LDLR, PCSK9 i ApoE oraz fragmentu egzonu nr 26 genu ApoB. Dodane sekwencje to regiony zawierające 12 dodatkowych SNP istotnych dla wyjaśnienia możliwych wielogenowych przyczyn rodzinnej hipercholesterolemii.

Po wprowadzanej właśnie zmianie wzbogacenie prób w sekwencje mające zostać poddane sekwencjonowaniu odbywa się w trakcie 4 lub 5 reakcji typu PCR multipleks (powstaje łącznie 76 ampikonów).

[Więcej informacji na stronie producenta](#)

[Wystąpienie na temat ADH MASTR \(Gdański Uniwersytet Medyczny, dr hab. Bartosz Wasag\)](#)

Zapowiedź CLARIGO, nieinwazyjnego testu do diagnostyki prenatalnej

10 lutego firma Mutiplicom ogłosiła program Early Access adresowany do laboratoriów diagnostyki molekularnej wykorzystujących platformy sekwencjonowania następnej generacji. Producent we współpracy z wybranymi laboratoriami będzie walidował najnowszy nieinwazyjny test prenatalny o nazwie Clarigo. Najnowszy test NIPT to panel wykorzystujący technologię NGS, którego zasada opiera się na analizie cfDNA płodu, izolowanego z krwi obwodowej ciężarnej kobiety. Wyniki wspomnianego testu mają dać odpowiedź na temat ilości chromosomów 21, 18, 13 oraz chromosomu X w kariotypie płodu.

[Źródło](#)

Przypominamy o terminach zbliżających się ...

... 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 marcu eksperci zespołu Illumina Technical Support omówią następujące tematy:

- sekwencjonowanie amplikonów także na potrzeby analiz metagenomicznych (16S RNA)
- przygotowanie bibliotek do sekwencjonowania z materiału izolowanego ze skrawków FFPE
- sekwencjonowanie *de novo* na podstawie odczytów uzyskanych na platformach Illumina
- analiza prób w oparciu o szlak TruSeq Synthetic Long-Reads:
 - część I – przygotowanie bibliotek
 - część II- reakcja sekwencjonowania i analiza danych
- ocena jakości przebiegu reakcji i wyników NGS z wykorzystaniem oprogramowania Sequence Analysis Viewer

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 grudniowych seminariów oraz linki rejestracyjne znajdziecie Państwo na stronach WWW naszej firmy oraz Illumina: <http://support.illumina.com/training/sequencing.ilmn>.

Seminaria on-line, które cieszyły się szczególnym zainteresowaniem są dostępne w formie zarejestrowanych nagrań na stronie internetowej Illumina:

<http://support.illumina.com/training/webinars/sequencing/sequencing-archive.html>

<http://support.illumina.com/training/webinars/array/array-archive.html>

... konferencji i sympozjów w Polsce:

7th International Conference of Contemporary Oncology

Personalized Cancer Medicine and Big Data Analysis

25-27.03.2015. Poznań

[link](#)

RECOMB 2015

19th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology

12-15.04.2015. Warszawa

[link](#)

(Gen)etyczna przyszłość człowieka

16-17.04.2015. Rzeszów

[link](#)

ICPMB. 9th International Conference for Plant mitochondrial Biology

17-20.05.2015. Wrocław

[link](#)

BioForum 2015, Targi Biotechnologii i Biobiznesu

20-21.05.2015. Wrocław

[link](#)

Biotechnologia i dobrostan w hodowli zwierząt

15-16.06.2015. Kraków

[link](#)

6th International Weigl Conference on Microbiology

08-10.07.2015. Gdańsk

[link](#)

... konferencji zagranicznych:

qPCR & NGS 2015 Event.

Advanced Molecular Diagnostics for Biomarker Discovery

7th international qPCR & NGS Event.

Symposium, Industrial Exhibition & Application Workshops

23-27.03.2015. Weihenstephan, Germany

[link](#)

2nd Annual Food, Genomics, Nutrition and Agriculture Genomic congress 2015

29-30.04.2015. London, UK

[link](#)

Advances in Next Generation Sequencing 2015

05-06.05.2015. Konferencja on-line

[link](#)

23rd Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology and the 14th European Conference on Computational Biology

10-14.06.2015. Dublin, Ireland

[link](#)

3rd Next Generation Sequencing Data Congress 2015

15-16.06.2015. London, UK

[link](#)

Festival of Genomics

24-25.06.2015. Boston, USA

[link](#)

EUSTM 2015. 3re Annual Congress of the European Society of Translational Medicine

01-04.09.2015. Wien, Austria

[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.