



Newsletter

wrzesień 2015

Szanowni Państwo!

Przedstawiamy wydanie newslettera, którego pierwsze akapity stanowią wybór niedawno opublikowanych prac naukowych oraz nowatorskich protokołów analiz. W trosce o utrzymanie wakacyjnego nastroju wybraliśmy projekty dotyczące obiektów badawczych kojarzących się z przyrodą i wypoczynkiem. Zapraszamy zatem do lektury prac o genetyce ptaków śpiewających i ryb zasiedlających rzeki Ameryki Północnej oraz tych traktujących o charakterze wina zależnym od gleby klimatu i mikrobiomu winnicy. W kolejnych rozdziałach periodyku znajdziecie Państwo informacje o nowych produktach opracowanych dla laboratoriów diagnostyki genetycznej oraz o rewolucyjnym urzędzeniu do kontrolowanej hodowli komórek ssaczych. Zachęcamy również do przejrzania kalendarium wydarzeń znajdującego się na końcowych stronach niniejszego wydania, bowiem wrzesień październik i listopad 2015 obfitują w interesujące kongresy i seminaria.

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

Zespół OpenExome

Ciekawe publikacje

Genom regulowany dźwiękiem, czyli o molekularnych podstawach nauki śpiewu i mowy

W marcu tego roku na łamach czasopisma Science ukazała się praca autorstwa Osceola Whitney i współpracowników z Zakładu Neurobiologii amerykańskiego Duke University Medical Center w Durham oraz Wydziału Biologii Uniwersytetu McGill w Montrealu, opisująca mechanizmy regulacji epigenetycznej genomu ptaków śpiewających. Zespół naukowców z laboratorium Neurobiologii Komunikacji Wokalnej kierowany przez doktora Erich D. Jarvis od kilkunastu lat zajmuje się badaniem mechanizmów molekularnych, które tworzą utrzymują lub modyfikują połączenia nerwowe odpowiadające za tak złożone zachowania, jak uczenie się języka mówionego i śpiewu. Obok papug i kolibrów to właśnie przedstawione na powyższym zdjęciu zeberki australijskie są uznanym modelem wykorzystywanym podczas badań nad genetyczną regulacją nauki komunikacji wokalnej.

Wspomniana publikacja jest przykładem świetnie napisanej pracy, która nawet niezorientowanego w neurobiologii mózgu ptaków czytelnika w sposób przyjazny i przejrzysty wprowadza w arkaną regulacji ekspresji genów w określonych strukturach płaszcza i prążkowie mózgu. Autorzy pracy wyjaśniają, jakie czynniki transkrypcyjne są aktywowane behawioralnie w 4 jądrach podstawnych mózgu zeberek oraz starają się przypisać konkretne funkcje każdemu z tych specyficznych obszarów mózgu. Widomo, że w przypadku ptaków śpiewających nawet do 10% genomu jest regulowane behawioralnie poprzez śpiew. Dzięki wykorzystaniu szerokiej gamy najnowszych technik badawczych takich jak: mikrodyssekcja tkanki, hybrydyzacja in situ, wyciszanie ekspresji genów z wykorzystaniem RNAi, analiza mikromacierzy oraz sekwencjonowanie fragmentów DNA wiążących się z czynnikami transkrypcyjnymi, weryfikacja hipotez tej grupy neurobiologów okazała się możliwa.

Nowości

[DesignStudio w nowej odsłonie](#)

[NGS Cardio Panels](#)

[NGS BRCA Panels](#)

[Calisto – rewolucja w hodowli in vitro](#)

Wydarzenia

[Tematy webinarów on-line](#)

[Kalendarz konferencji](#)

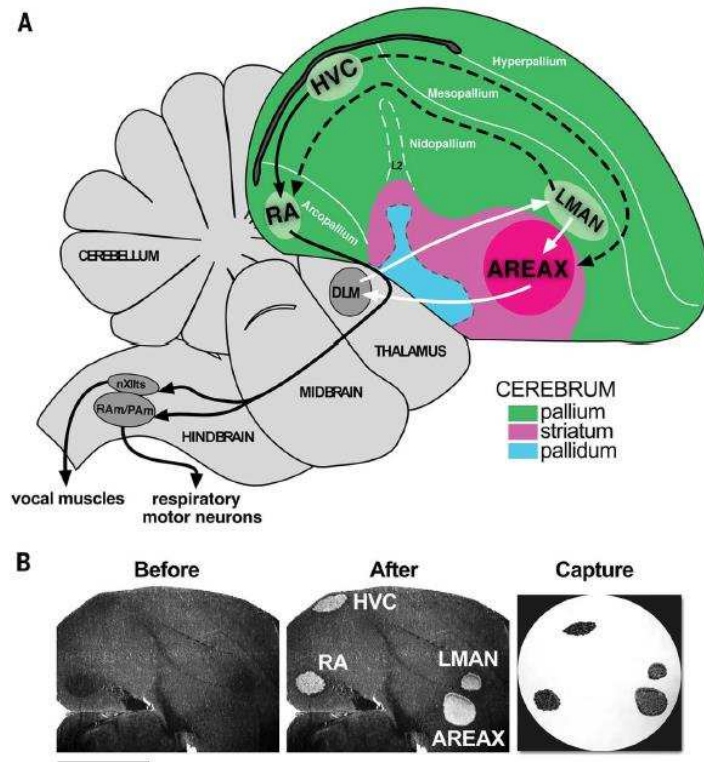


Fig. 1. Song system and laser microdissection

(A) Sagittal schematic of the zebra finch brain showing positions and some connections of song nuclei. Pallial, striatal, and pallidal regions are distinguished by colors. Black arrows, posterior vocal pathway involved in song production; white arrows, anterior vocal pathway involved in song learning and modulation; dashed arrows, connections between the two pathways. (B) Song nuclei were laser-capture microdissected from males that were either silent or continuously singing for 0.5 hours and 1 hour, and for each hour thereafter up to 7 hours, resulting in more than 200 total microarrays. Shown are images of 10- μ m tissue sections before and after laser capture microdissection at 10X magnification. (Before) Following dehydration, song nuclei fiber density appears darker than surrounding tissue. (After) Song nuclei regions are selectively cut out using an infrared laser. (Capture) The cut song nuclei transferred to the cap by the LCM system. For microarray analysis, each of the four song nuclei from each animal was captured separately to individual LCM caps. Dorsal is up; anterior is right. Scale bar, 2 mm.

Źródło: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4359888/pdf/nihms666874.pdf>
 Źródło: Pubmed - PMID: 25504732

Aromat smak i kolor wina zależne od mikrobiomu danej winnicy

Zespół enologów i technologów żywności z Uniwersytetu Kalifornijskiego pokusił się o metagenomiczne analizy mikrobiomu ponad 250 prób moszczu winogronowego przygotowywanego w dziewięciu różnych winnicach w stanie Kalifornia. Postanowiono zidentyfikować, jak charakterystyczne dla danej winnicy gatunki mikroorganizmów (oprócz *Saccharomyces cerevisiae* oraz *S. bayanus* - powszechnie stosowanych do rozpoczęcia startu przemysłowej fermentacji) wpływają na unikalny smak i aromat wina. Wyniki pracy potwierdzają, że na ostateczny smak, barwę i charakter wina ogromny wpływ ma tzw. terroir czyli niepowtarzalny skład warunków, w których wytwarzane jest wino. Jednak do definicji składowych „terroir” obok warunków klimatycznych i geologicznych autorzy pracy dodają jeszcze skład mikrobiomu zasiedlającego rośliny i ich owoce.

Lekturę publikacji autorstwa Nicolasa Bokulich i współpracowników, która ukazała się w październiku 2013, polecamy wszystkim miłośnikom win kalifornijskich. Dowiedzie się z niej Państwo, w jaki sposób zaawansowane techniki analizy DNA i programy bioinformatyczne mogą przysłużyć się producentom Chardonnay czy Cabernet i tym samym wpłynąć na zadowolenie klientów o najbardziej wyrafinowanym podniebieniu.

Źródło: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3890796/pdf/pnas.201317377.pdf>
 Źródło: Pubmed - PMID: 24277822

Analiza mitochondrialnego DNA ryb obcogatunkowych na potrzeby kontroli ich plenności

Grupa biologów z Laboratoriów Środowiska Centrum Badawczo-Rozwojowego armii amerykańskiej w stanach Missisipi i Illinois prowadzi badania nad opracowaniem testów molekularnych pozwalających na identyfikację gatunków ryb żyjących w określonym jeziorze czy rzece. Są to testy nieinwazyjne, nie wymagające odłowu zwierząt i wykonywane na próbach eDNA (od ang. environmental DNA), czyli DNA izolowanego z odpowiedniej objętości próby wody pobranej z danego akwenu.

Heather Farrington i jej współpracownicy podjęli się próby identyfikacji markerów genetycznych pozwalających na odróżnienie tak podobnych pod względem genetycznym gatunków tołpyga biała i tołpyga pstra. Badacze pracowali z próbkami DNA izolowanymi z fragmentów płetw oraz wątroby ryb i określili kompletną sekwencję mitochondrialnego DNA dla około 30 osobników tołpygi białej i dla 30 osobników tołpygi pstrej. Następnie amplifikowali zestawy potencjalnych sekwencji markerowych dla każdego osobnika z badanej puli zwierząt, a zestawy ampliconów poddali sekwencjonowaniu NGS. Odczytane sekwencje analizowano szczegółowo w poszukiwaniu zbiorów markerów charakterystycznych dla tołpygi białej oraz tych dla tołpygi pstrej. Kolejnym krokiem była weryfikacja testu z wybranymi markerami DNA ryb na właściwych próbkach eDNA.

Opisywany powyżej test eDNA ma pomóc w monitorowaniu tempa rozprzestrzeniania się introdukowanych w latach 70. XX wieku w stanie Arkansas gatunków azjatyckich ryb słodkowodnych. Z założenia import obcych gatunków miał pomóc hodowcom ryb w kontrolowaniu ilości glonów rozwijających się w sztucznych akwenach hodowlanych. Niestety w ciągu ostatnich kilku dekad tołpyga i inne introdukowane gatunki azjatyckie w sposób niekontrolowany zasiedliły wiele naturalnych rzek i jezior wypierając z nich gatunki endogenne i znacznie zaburzając te ekosystemy. Obecnie problem nadmiernej ekspansji ryb pochodzących oryginalnie z Azji dotyczy już ponad 23 stanów w Ameryce Północnej.

Źródło: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4338309/>

Źródło: Pubmed - PMID: 25706532

Interesujące protokoły NGS

Optymalizacja wykorzystania wyjściowej próby DNA, kosztów i czasu trwania analizy szlakiem Nextera long mate-pairs

W lipcowym wydaniu BioTechniques opisano interesującą modyfikację protokołu przygotowania biblioteki całogenomowej typu LMP (long mate pair) na potrzeby sekwencjonowania de novo. Badacze z angielskiego laboratorium The Genome Analysis Centre pokazują kosztowo ekonomiczną metodę pozwalającą na przygotowanie do 12 (różniących się długością insertu bibliotek) z zaledwie 9 µg genomowego DNA badanego organizmu.

Produkty reakcji tagmentacji wyjściowego DNA (kluczowego etapu każdego ze szlaków przygotowania bibliotek w technologii Nextera) zostały poddane frakcjonowaniu względem długości cząsteczek DNA. Do tego celu posłużono się urządzeniem SageELF. Następnie każda z 12 odzyskanych frakcji tagmentowanego DNA została wykorzystana do przygotowania biblioteki o ściśle określonym dla niej przedziale długości insertów. Sekwencjonowanie 12 niezależnych bibliotek o różnej długości fragmentów otrzymanych jednej próby genomowego DNA pozwoliło na uzyskanie bardzo dobrej jakości odczytów dla każdej z tych bibliotek, a w efekcie umożliwiło skuteczne złożenie sekwencji (w tym przypadku sekwencji chromosomu 3B pszenicy zwyczajnej). Autorzy doniesienia szczegółowo opisują zastosowany protokół oraz szacują jakie przyniósł on oszczędności w laboratorium jeśli chodzi o koszty zużywanych odczynników.

Źródła: http://www.biotechniques.com/multimedia/archive/00250/BTN_A_000114310_O_250249a.pdf

<http://www.sagescience.com/blog/scientists-optimize-mate-pair-sequencing-with-sageelf/>

Pubmed - PMID: 26156783

Optymalizacja protokołu ilościowej analizy cząsteczek mikro RNA oraz innych krótkich niekodujących RNA

Godną uwagi wydaje się również niedawno zamieszczona w BMC Medical Genomics publikacja autorstwa Jouana Pablo Lopeza i współpracowników z laboratoriów NGS Uniwersytetu McGill w Montrealu. Zespół badaczy przeprowadził optymalizację protokołu przygotowania bibliotek i sekwencjonowania bibliotek mikro RNA oraz innych niekodujących krótkich cząsteczek RNA wychodząc od standardowego protokołu TruSeq Small RNA Sample Preparation. Z pewnością lektura wspomnianej pracy oszczędzi „wyważania otwartych drzwi” wielu osobom pracującym już z bibliotekami krótkich RNA lub tym osobom, które dopiero zamierzają prowadzić badania smallRNA-Seq. W artykule kanadyjskich badaczy znajdziecie Państwo między innymi podpowiedzi na temat:

- optymalnych ilości wyjściowego RNA dla prób RNA pozyskiwanych z określonych typów tkanek

człowieka,

- wpływu poziomu degradacji RNA (określanego pośrednio wartością współczynnika RIN) na końcową jakość biblioteki smallRNA oraz
- doboru metody frakcjonowania fragmentów RNA (cDNA) w trakcie przygotowania bibliotek dla danego projektu badawczego.

Źródła: <http://www.biomedcentral.com/content/pdf/s12920-015-0109-x.pdf>

<http://www.sagescience.com/citation/biomarker-discovery-quantification-of-micrnas-and-other-small-non-coding-rnas-using-next-generation-sequencing/>

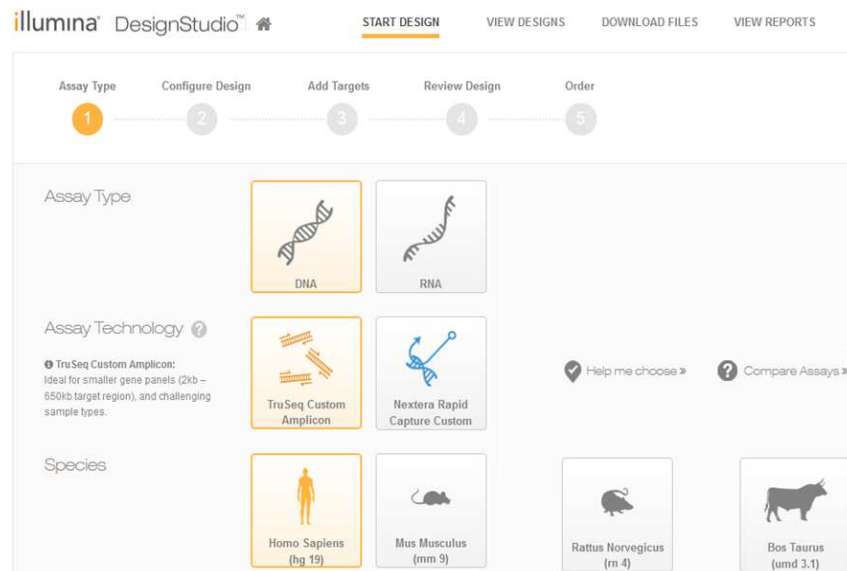
Pubmed - PMID: 26130076

Informacje od partnerów OpenExome

ILLUMINA

DesignStudio w nowej odsłonie

Kilka tygodni temu wprowadzono nowy i zdaniem jego regularnych użytkowników znacznie wygodniejszy interfejs DesignStudio, czyli aplikacji służącej do projektowania własnych paneli genowych. Dzięki jasnemu podziałowi procesu projektowania na kolejne etapy oraz oczywistym oznaczeniom graficznym praca z wykorzystaniem DesignStudio staje się intuicyjna. Doświadczeni użytkownicy aplikacji zgodnie określają ostatnie modyfikacje jako zmiany na lepsze i szczególnie chwalą bezpośredni dostęp do przeglądarki UCSC oraz przejrzystą formę raportów końcowych z przygotowywanych projektów.



Szczegółowe informacje o Design Studio podano [tutaj](#)

Multiplicom i Cardio Panels

Katalog Multiplicom uwzględnia podgrupę produktów zwaną Cardio Panels, kompatybilnych z większością sekwenatorów następnej generacji dostępnych na rynku. Cardio Panels to trzy panele genowe z grupy MASTR pozwalające na diagnostykę genetyczną schorzeń kardiologicznych.

Są to:

PED MASTR™ Plus - zestaw do identyfikacji mutacji związanych z podstawowymi zaburzeniami elektrycznymi (Primary Electrical Disorders - PED) predysponującymi do arytmii komorowej.

Test ten jest gotowym do użycia zestawem, zapewniającym dobrą wydajność wzbogacania interesujących genów przy minimalnym czasie pracy ręcznej. Zestaw służy do molekularnej identyfikacji wszystkich mutacji w 51 genach (wymienionych na karcie specyfikacji), leżących u podstaw PED. Opakowanie zawiera wszystkie odczynniki niezbędne do wykonania multipleksowej amplifikacji 952 amplikonów (300-440 bp) w 11 reakcjach PCR, dającej pełne pokrycie wszystkich sekwencji kodujących. Protokół MASTR "Plus" jest uproszczeniem znanego protokołu MASTR. Po pierwszym etapie reakcji PCR (11 multipleksowych reakcji PCR na próbkę), indywidualne próby miesza się według wstępnie zdefiniowanego w protokole schematu. Otrzymana biblioteka amplikonowa jest następnie oczyszczana z resztkowych małych fragmentów DNA, a następnie rozcieńczana przed drugim etapem PCR: Universal PCR. Łączenie multipleksowych produktów PCR przed etapem Universal PCR pozwala na istotne skrócenie etapów pracy ręcznej.

HCM MASTR™ - panel pomocny w ocenie predyspozycji pacjenta do rozwoju rodzinnej kardiomiopatii przerostowej.

Rodzinna kardiomiopatia przerostowa (Familial Hypertrophic Cardiomyopathy - HCM) to choroba dziedziczona w sposób autosomalny dominujący. U jej podstaw leżą mutacje w obrębie następujących genów: MYBPC3, MYH7, TNNT3, TNNT2 oraz MYL2. Choroba występuje często - dotyka 1 na 500 osób. U jej podstaw leżą niewyjaśnione przerosty mięśnia sercowego, zaburzenia układu miocytów oraz zwłóknienia. HCM jest główną przyczyną nagłej śmierci sercowej u młodych sportowców i najczęstszym genetycznym zaburzeniem układu sercowo-naczyniowego. Wykorzystując panel HCM MASTR należy przeprowadzić pięć reakcji PCR typu multipleks, w których przygotowuje się biblioteki obejmujące całe regiony kodujące wyżej wymienionych genów (łącznie 131 ampliconów o długości 280-430 pz). Zestaw zawiera dodatkowe kontrolne amplicony, pozwalające na określenie zmienności liczby kopii (copy number variations - CNV).

ADH MASTR v2 - rozbudowany panel genowy umożliwiający ocenę genetycznych predyspozycji pacjenta do hipercholesterolemii

Jest 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. Wynik uzyskany dla dodanych 12 SNP może być wykorzystany do wyjaśnienia obserwowanej zmiennej penetracji lub do profilowania ryzyka u osobników, odpowiednio, z lub bez przyczyny monogenowej. Po wprowadzanej zmianie wzbogacenie prób w sekwencje mające zostać poddane sekwencjonowaniu odbywa się w trakcie 4 lub 5 reakcji typu PCR multipleks (powstaje łącznie 76 ampliconów). Więcej informacji znajduje się na stronie [producenta](#)

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

Multiplicom i BRCA Panels

Multiplicom rozbudował także ofertę rozwiązań do sekwencjonowania genów BRCA1 i BRCA2. W katalogu tej firmy znajdziecie Państwo zestawy odczynników do diagnostyki onkologicznej, które są kompatybilne z ekstraktami DNA pozyskiwanymi z fragmentów utrwalanych tkanek jak również takie które służą badaniom profilaktycznym/prognostycznym, a materiałem wyjściowym do nich jest DNA izolowane z krwi pacjenta.

BRCA Tumor MASTR Plus - zestaw do identyfikacji wszystkich mutacji oraz zmienności liczby kopii w kodujących regionach genów BRCA 1 i BRCA 2, związanych z nowotworem piersi i jajników

BRCA Tumor MASTR Plus to zestaw zaprojektowany do identyfikacji wszystkich mutacji (SNP) oraz zmienności liczby kopii (CNV) w kodujących regionach genów BRCA 1 i BRCA 2 u chorych z nowotworem piersi i jajników oraz u osób obciążonych zwiększonym ryzykiem zachorowania na nowotwory. Gotowy do użycia zestaw BRCA Tumor MASTR Plus zawiera wszystkie odczynniki niezbędne do multipleksowej amplifikacji 181 ampliconów (123-230 pz) w celu pokrycia pełnych kodujących sekwencji egzonów. Procedura wymaga wykonania 4 multipleksowych reakcji dla każdej próbki przy minimalnym czasie pracy ręcznej. Zestaw BRCA Tumor MASTR Plus został dodatkowo zoptymalizowany do wykrywania mutacji BRCA1 i BRCA2 w próbkach tkanek nowotworowych utrwalonych parafiną lub/i formaliną. Zestaw został opracowany i przetestowany przy ścisłej współpracy z wiodącymi europejskimi ośrodkami diagnostycznymi i gronem ekspertów. Zestaw jest kompatybilny z większością obecnych na rynku sekwenatorów next generation, dając elastyczność w wyborze preferowanej metody.

Test można przeprowadzić z następujących materiałów:

- DNA izolowane z tkanek nowotworowych utrwalonych parafiną lub formaliną - wykrywanie mutacji somatycznych (SNV)
- krew (próbki świeżo mrożone lub suche krople) - wykrywanie mutacji germinalnych (SNV) oraz zmienności liczby kopii (CNV)

BRCA Hereditary Cancer MASTR Plus - zestaw umożliwiający identyfikację wszystkich mutacji oraz zmienności liczby kopii (CNV) w kodujących regionach 26 genów związanych z dziedzicznym obciążeniem różnymi nowotworami, w tym nowotworem piersi i jajników.

Gotowy do użycia zestaw BRCA Hereditary Cancer MASTR Plus zawiera wszystkie odczynniki niezbędne do multipleksowej amplifikacji 561 ampliconów (232-430 pz) w celu pokrycia pełnych

kodujących sekwencji wszystkich egzonów i wybranych intronów. Procedura wymaga wykonania 5 multipleksowych reakcji dla każdej próbki przy minimalnym czasie pracy ręcznej. Zestaw zaprojektowano we współpracy z ekspertami europejskich ośrodków diagnostycznych. W panelu uwzględniono 6 genów wysokiego ryzyka wystąpienia nowotworu (w tym BRCA1 i BRCA2), 9 genów średniego ryzyka i 11 niskiej penetracji bazując na dobranych grupach pacjentów z nowotworami dziedzicznymi. Szczegółowa lista genów dostępna jest w broszurze opisującej zestaw

W porównaniu z tradycyjnymi metodami zastosowanie BRCA Hereditary Cancer MASTR Plus do identyfikacji mutacji germinalnych i CNV stanowi szybszą, tańszą i znacznie dokładniejszą alternatywę.

BRCA MASTR Dx - test diagnostyczny do identyfikacji mutacji w genach BRCA 1 i BRCA2

BRCA MASTR Dx to zestaw diagnostyczny do identyfikacji mutacji w kodujących regionach genów BRCA1 i BRCA2 metodą sekwencjonowania następnej generacji. Test polecany jest dla osób z podwyższonym ryzykiem nowotworów piersi, jajnika oraz pokrewnych. Gotowy do użycia zestaw BRCA MASTR Dx zawiera wszystkie odczynniki niezbędne do multipleksowej amplifikacji 93 amplikonów (289-430 pz) w celu pokrycia pełnych kodujących sekwencji egzonów genów BRCA 1 i 2. BRCA MASTR Dx zapewnia jednolite pokrycie 99,9% amplikonów (>0,2x średnie pokrycie) oraz 99,85 % nukleotydów w obrębie amplikonów oraz fragmentami flankującymi introny wielkości około 30 pz. Zestaw jest kompatybilny z większością obecnych na rynku sekwenatorów next generation, dając elastyczność w wyborze preferowanej metody. BRCA MASTR Dx posiada znak CE-IVD do stosowania z systemem Illumina MiSeq i GS Junior Roche.

Fluidigm

Calisto - precyzyjna kontrola hodowli komórek na potrzeby wielowariantowych doświadczeń

Z przyjemnością informujemy, że specjalizująca się w wykorzystaniu technologii mikroprzepływowej firma Fluidigm opracowała system Callisto. Jest to pierwsze urządzenie na rynku, które umożliwia hodowlę komórek in vitro w warunkach kontrolowanych. Został stworzony do projektowania, optymalizacji i przeprowadzania złożonych, wieloetapowych protokołów hodowli komórek. Stwarza możliwość prostego badania mechanizmów odpowiedzialnych za programowanie, aktywację i rozwój komórek, pozwala na uzyskiwanie i charakteryzowanie nowych komórek, prowadzenie badań nad wpływem określonych dawek leku na komórki czy odkrywanie nowych biomarkerów. To wszystko można osiągnąć za pomocą kilku dotknięć ekranu urządzenia. Hodowla komórek przebiega na chipie mikroprzepływowym, który zawiera 32 niezależne komory reakcyjne, z których każda może być traktowana aż 16 różnymi czynnikami, takimi jak np. wirusy, białka, miRNA, mRNA, DNA czy potencjalne innowacyjne substancje terapeutyczne. Zadaniem samego urządzenia jest kontrola warunków hodowli utrzymanie odpowiedniej temperatury i wilgotności. Dzięki oprogramowaniu można dowolnie sterować hodowlą, monitorować i zapisywać jej przebieg. Komórki inkubowane/hodowane w aparacie Calisto można wykorzystać następnie do takich testów genetycznych takich jak: badanie ekspresji genów, analiza całego transkryptomu, analizy miRNA ale także na potrzeby analiz wykorzystujących obrazowanie komórek.

Warto dodać, że Callisto™ jest w pełni kompatybilny z systemami C1™, BioMark HD™ oraz Helios™ System Callisto został entuzjastycznie przyjęty przez naukowców zajmujących się badaniami nad różnicowaniem komórek macierzystych. Jest on wykorzystywany w Kalifornijskim Instytucie Medycyny Regeneracyjnej. Krótki film z wypowiedziami naukowców na temat samego systemu można obejrzeć [tutaj](#)



Przypominamy o terminach zbliżających się ...

... seminariów on-line (tzw. webinarów) prowadzonych przez specjalistów aplikacyjnych firmy Illumina

Illumina prowadzi szkolenia on-line dotyczące prowadzenia badań z wykorzystaniem technologii sekwencjonowania następnej generacji oraz mikromacierzy. W najbliższych tygodniach zespół Illumina Technical Support omówi „na żywo” następujące tematy:

- Optymalizacja gęstości klastrów na powierzchni komórki przepływowej – 9 września
- Praca z programem BaseSpace – 10 września
- Praca z Assay Design Tool. Projektowanie mikromacierzy Infinium typu custom/semi-custom – 10 września
- Sequence Analysis Viewer (SAV) i ocena przebiegu reakcji sekwencjonowania – 15 września
- Podstawy molekularne sekwencjonowania przez syntezę (SBS) – 29 września

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 stronie:

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

Zachęcamy Państwa do obejrzenia nagrań seminariów, które cieszyły się szczególnym zainteresowaniem w ostatnich miesiącach. Są one dostępne na stronie internetowej Illumina:

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

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

...nowych kursów Illumina

Zachęcamy do zapoznania się z nowymi kursami on-line (pokaz slajdów z komentarzem lektora) dotyczących oprogramowania oferowanego i sugerowanego przez Illumina do pracy z:

a) panelami genowymi projektowanymi przez badacza

„DesignStudio: TruSeq Custom Amplicon”

<http://support.illumina.com/training/online-courses/sequencing.html>

b) panelem Genowym do oznaczania antygenów zgodności tkankowej

“Conexio Assign for TruSight HLA – Essentials”

http://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/courses/trusight-hla-conexio-software/story_html5.html

“Conexio Assign for TruSight HLA – Advanced”

http://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/courses/trusight-hla-conexio-advanced/story_html5.html

c) oraz o aplikacji BaseSpace dedykowanej do pracy z wynikami sekwencjonowania NGS

„BaseSpace – Frequently Asked Questions”

<http://support.illumina.com/training/online-courses/sequencing.html>

... konferencji i sympozjów w Polsce:

ISFG – 26th Congress of the International Society for Forensic Genetics

Kraków, 31.08-05.09.2015

<http://isfg2015.org/>

49 Konferencja Naukowa „Mikroorganizmy Środowisko Biotechnologia”.

Szczecin-Siemczyno, 01-04.09.2015

<http://okn2015mikrobiol.wix.com/szczecin>

ISOBM 2015 - 42th Congress of the International Society of Oncology and Biomarkers.
Zakopane, 3-7.10.2015

<http://www.isobm-congress.org/>

Mikrobiologia w Medycynie, Przemysle i Ochronie Środowiska.
Łódź, 24-25.10.2015

[link](#)

Kongres BIO 2015 - współorganizowany przez Polskie Towarzystwa Naukowe: Biochemiczne, Biologii Komórki, Biofizyczne i Bioinformatyczne

09-12.09.2015. Warszawa, kampus UW przy ul. Krakowskie Przedmieście 26/28

<http://www.mikrostudent.pl/>

... konferencji zagranicznych:

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

Wiedeń, 01-04.09.2015

<http://www.eutranslationalmedicine.org/eustm-2015>

ACM-BCB 2015, ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics.

Atlanta, GA, 09-12.09.2015

<http://bigls.org/>

Protein Synthesis and Translational Control, EMBO conference.

Heidelberg 09-13.09.2015

<http://www.embl.de/training/events/2015/TRC15-01/programme/index.html>

Analytics for Biologics.

Filadelfia ,PA, 10-11.09.2015

<https://www.gtcbio.com/conferences/analytics-biologics-agenda>

The Mobile Genome: Genetic and Physiological Impacts of Transposable Elements.

Heidelberg, 16-19.09.2015

<http://www.embo-embl-symposia.org/symposia/2015/EES15-05/programme/index.html>

CoGEN. Controversies in preconception, preimplantation and prenatal genetic diagnosis: How will genetics technology drive the future?

Paryż, 25-27.09.2015

http://www.comtecmed.com/cogen/2015/sci_program.aspx

HUPO 2015 – 14th Human Proteome Organization World Congress

Vancouver, Kanada, 25-27.09.2015

<http://www.plantgenomeevolution.com/>

Plant Genome Evolution 2015.

Amsterdam, 06-08.10.2015

<http://hupo2015.com/>

2015 NextGen Genomics, Biology, Bioinformatics and Technologies (NGBT) Conference.

Hyderabad, Indie, 01-03.10.2015

<http://sgrfconferences.org/2015/NGBT/program.php>

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 przesłanie ich na adres: community@openexome.pl.