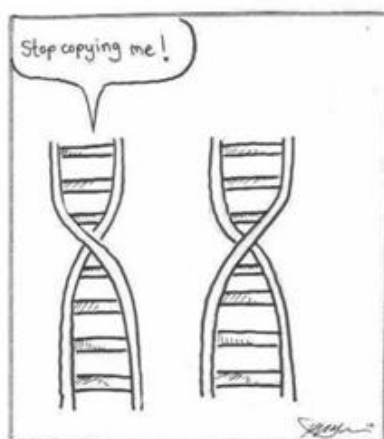


Newsletter - lipiec 2016



Oddajemy w Państwa ręce wakacyjne wydanie newslettera, w którym wskazujemy ciekawe naszym zdaniem artykuły potwierdzające, że wysokoprzepustowe techniki badania DNA na stałe już zagościły w laboratoriach biomedycznych oraz że znajdują one uznanie w oczach paleontologów i specjalistów od ochrony środowiska.

Tym razem szczególnie mocno zachęcamy Państwa do przeczytania informacji o zmianach w katalogach naszych partnerów. W ostatnich miesiącach wprowadzono na rynek szereg nowych interesujących produktów. Chcemy także zasygnalizować, że niektóre z zestawów odczytników Illumina są wycofywane lub/i zastępowane kolejną generacją produktów. Ostatnia część niniejszego wydania to kalendarium seminariów on-line i konferencji tematycznych. Każde z wydarzeń opatrzone jest linkiem do programu lub strony rejestracyjnej.

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

Zespół OpenExome

Produkty - ważne informacje

[TruSeq Rapid Exome](#)

[Infinium Human Exome-24 v1.0](#)

[GGP Bovine LD v4 BeadChip/GGP Potato Array](#)

[NeoPrep a normalizacja bibliotek mRNA](#)

[SOMATIC 1 MASTR Plus Dx](#)

[BRCA Tumor MASTR Plus Dx](#)

[Kasety 0,7%% dla SageELF](#)

[Indeksy dr MID](#)

Wydarzenia

[Tematy webinarów on-line](#)

[Kalendarz konferencji](#)

Ciekawe publikacje

Analiza metylacji DNA dzieci, które były narażone na działanie nikotyny w czasie życia płodowego.

Międzynarodowa grupa badaczy i klinicystów w ramach koordynowanego przez Uniwersytet w Monachium projektu CHOP (od ang. European Childhood Obesity Project) przeprowadziła analizę profilu metylacji DNA w próbkach pobranych od 366 dzieci. Porównywano profil metylacji DNA urodzonych w Europie pięciolatków, które w czasie życia płodowego były narażone na działanie dymu papierosowego/nikotyny z profilem metylacji DNA dzieci w podobnym wieku, których matki nie były palaczkami. Na podstawie analizy EWAS (od ang. Epigenome Wide Association Studies) wykorzystującej mikromacierze znaleziono kilka interesujących zmian metylacyjnych u potomstwa matek palących papierosy. Warto dodać, że uzyskane wyniki zgadzały się z tymi otrzymanymi w analogicznych programach badawczych obejmujących dzieci ze Stanów Zjednoczonych i Europy. Wykazano istotne zmiany stopnia metylacji genów MYO1G, GNTNAP2 oraz FRMD4A. Ich znaczenie biologiczne i kliniczne wymaga pogłębionych badań. Na podstawie dostępnej literatury tematu można jednak przypuszczać, że mechanizmy molekularne związane ze zmianą metylacji wspomnianych genów są przyczynkiem m.in. do chorób układu krwionośnego, opóźnienia rozwoju mowy i zmniejszenia zdolności językowych, problemów z narządem słuchu oraz niektórych zaburzeń intelektualnych.

Źródła:

Projekt CHOP: <https://clinicaltrials.gov/ct2/show/NCT00338689?term=NCT00338689&rank=1>
Pubmed - PMID: 27171005

NGS dla lepszego zrozumienia ewolucji pierwotniaka wywołującego malarię

Międzynarodowa grupa badaczy po kierunkiem prof. Beatrice Hahn (uznanej ekspert w zakresie badania zmienności i ewolucji wirusów HIV/SIV oraz pierwotniaków izolowanych różnych gatunków małp) na łamach Nature Communications opublikowała artykuł dotyczący genetycznej charakterystyki sześciu gatunków zarodźca izolowanego z krwi szympanów nie wykazujących objawów malarii. Przedstawione w artykule badania miały na celu opisanie zmienności genetycznej zarodźców identyfikowanych u szympanów oraz porównanie sekwencji małpich pasożytów do sekwencji genetycznej zarodźca malarii wywołującego tę chorobę u człowieka.



Wyniki tych badań pozwalają zrozumieć poziomy transfer genów zachodzący u tych pierwotniaków oraz wskazać, których genów transfer dotyczy. Dodatkowo autorzy pracy dyskutują potencjalny proces adaptacyjny pierwotniaka, który pozwolił przekroczyć barierę międzygatunkową prekursorowi wywołującego malarię u człowieka *Plasmodium falciparum*.

Badacze bardzo szczegółowo dyskutują stosowaną metodykę. Opisują zalety i wady techniki SWGA (od ang. selective whole-genome amplification), którą posłużyli się do opisu zmienności genetycznej pasożyta. Wskazują także, że dla właściwej interpretacji wyników SWGA i dla skutecznego mapowania wyników z SWGA konieczne było uzyskanie sekwencji referencyjnej z klasycznej całogenomowej biblioteki NGS zarodźca małpiego.

Źródło:

Pubmed – PMID: 27002652

Analiza mikrobiomu na terenach zanieczyszczonych substancjami ropopochodnymi

Techniki molekularne badania konsorcjów mikroorganizmów okazują się pomocne w monitorowaniu procesu biostymulacji i postępów bioremediacji gleby zanieczyszczonej substancjami ropopochodnymi. Badacze z Instytutu Nauk o Środowisku oraz Politechniki w Istambule na podstawie wyników sekwencjonowania następczej generacji opisywali skład konsorcjów bakteryjnych zasiedlających przybliżone osadady z okolic miejsc składowania ropy naftowej i próbki gleby z lasów miejskich. Dodatkowo metodą ilościowej real-time PCR badali poziom ekspresji genów *alkB*, *phnAc* i *nah* w ekstraktach DNA mikroorganizmów obecnych w próbkach gleby. Na podstawie tych wyników oceniali szanse na rozpoczęcie procesu biostymulacji w zanieczyszczonym gruncie. Publikacja Aiyoub Shahi i współpracowników jasno pokazuje, że po nowoczesne techniki biologii molekularnej coraz chętniej sięgają grupy badawcze zajmujące się remediacją gleb i ochroną środowiska.

Jeśli ciekawi jesteście Państwo jak na podstawie proporcji bakterii Gram-ujemnych do Gram-Dodatnich ocenić postęp bioremediacji w glebie zanieczyszczonej n-alkanami i wielopierścieniowymi węglowodorami aromatycznymi i które gatunki mikroorganizmów są najbardziej pomocne w tym procesie, proszę sięgnąć po artykuł opublikowany jesienią 2015 na łamach „Ecotoxicology and Environmental Safety”.

Źródło:

Pubmed - PMID: 26685788

Laboratorium paleogenetyków bez tajemnic

Jako przerywnik w codziennej pracy podpowiadamy obejrzenie nagrania Illumina przedstawiającego profesor Beth Shapiro kierującą Laboratorium Paleogenomicznym na Uniwersytecie Kalifornijskim w Santa Cruz. Wykorzystując czas kilkuminutowej inkubacji w trakcie doświadczenia lub urozmaicając sobie przegląd stron www podczas przerwy na kawę możecie Państwo dowiedzieć się ile tajemnic kryją w sobie kości konia kopalnego czy szkielet prehistorycznego bobra. Wystarczy otworzyć tę stronę:

<https://www.youtube.com/watch?v=7lDmKV1Se20&index=1&list=PLKRu7cmB0lah8wHBBvBXEOdNW-xNvvX>

A więcej informacji o projektach prof. Beth Shapiro umieszczono tu: <https://pgl.soe.ucsc.edu/>

Informacje od partnerów OpenExome

ILLUMINA

Biblioteki egzomowe z nowymi zestawami TruSeq Rapid Exome Kit oraz TruSeq Exome Kit



Firma Illumina stale podnosząc jakość oraz udoskonalając technologię oferowanych produktów stworzyła dwa nowe zestawy do bibliotek całogzomowych – TruSeq Rapid Exome Kit oraz TruSeq Exome Kit. Zestaw TruSeq Rapid Exome Kit to udoskonalona, niezwykle prosta metodyka tworzenia bibliotek egzomowych w oparciu o enzymatyczną fragmentację DNA. Zestaw jest zoptymalizowany na 50ng wejściowego DNA.

Zestaw TruSeq Exome Kit to tańsza wersja bibliotek egzomowych oparta o tradycyjną fragmentację z zastosowaniem sonikacji DNA. Zestaw wymaga większej ilości DNA – 100ng ale oferuje znacznie atrakcyjniejszą cenę za pojedynczą próbę. Oba nowe zestawy są w pełni kompatybilne ze wszystkimi systemami do sekwencjonowania Illumina – MiSeq, NextSeq, HiSeq 2500-4000. W zależności od wyboru platformy, dostępne są różne formaty pleksowości zestawu od 1 do 12 plex. Więcej informacji oraz porównanie dostępnych zestawów do bibliotek egzomowych:

<http://www.illumina.com/products/truseq-rapid-exome.html>

<http://www.illumina.com/products/truseq-exome.html>

Wszystkich zainteresowanych nowymi zestawami do bibliotek zapraszamy do kontaktu w celu uzyskania atrakcyjnej oferty na zestawy testowe.

Nowe macierze dla agrogenomiki - GeneSeek® Genomic Profiler (GGP)

Illumina wciąż rozwija również ofertę mikromacierzy. Na podstawie porozumienia z firmą Neogen®, w ofercie Illumina pojawiły się nowe macierze GeneSeek® Genomic Profiler (GGP). To specjalnie przygotowane całogenomowe macierze umożliwiające precyzyjne genotypowanie w celu powiązania genetyki z selekcją, sposobem karmienia, zarządzaniem zasobami i organizmami modelowymi. Macierze oferują różną gęstość oraz pleksowość. Więcej szczegółów: <http://www.illumina.com/products/ggp-whole-genome-genotyping-arrays.html>



Nowa nota aplikacyjna – wsparcie merytoryczne sekwencjonowania genomu, egzomu, metylomu oraz transkryptomu z wykorzystaniem urządzeń HiSeq 3000 i HiSeq 4000



Nowa nota aplikacyjna omawiająca tzw. „omiczne” aplikacje na systemach HiSeq 3000/4000 już dostępna. Praca opisuje wyniki uzyskiwane dla sekwencjonowania całogenomowego, całogzomowego, całotranskryptomowego oraz analizy całogenomowej metylacji.

Cały dokument dostępny jest [tutaj](#)

Macierze Infinium Human Exome – teraz w formacie 24-próbkowym

Na skutek dużego zainteresowania wyższą przepustowością analiz całogzomowych z użyciem mikromacierzy, Illumina wzbogaciła ofertę Infinium® Human Exome BeadChip o nową 24 pozycyjną macierz Infinium Exome-24 v1.0. Nowa wersja zastąpi starszą wersję HumanExome-12 v1.2 BeadChip o nową wykoprzepustową wersję 24 próbki HTS.

Więcej o nowym formacie [Infinium Exome-24 v1.0](#)

NeoPrep – kwantyfikacja i normalizacja dla TruSeq® Stranded mRNA Kit dostępna na pokładzie systemu



Najnowsza wersja oprogramowania NeoPrep System Suite obsługuje kwantyfikację oraz normalizację bibliotek przygotowywanych szlakiem TruSeq® Stranded mRNA Kit. Uzyskiwane biblioteki posiadają tę samą wysoką jakość w porównaniu do metodyki manualnej lecz wymagają zaledwie 30 minut ręcznej pracy od RNA do gotowych do sekwencjonowania bibliotek.

Oprogramowanie dostępne jest [tutaj](#).

Illumina – wycofywane produkty

Illumina stale udoskonalając własne produkty, jednocześnie wycofuje ich starsze wersje. Poniżej lista produktów, które przestały być dostępne lub wkrótce znikną z oferty Illumina:

- Zestawy systemowe NextSeq® v1 Reagent Kits – wycofane i zastąpione przez NextSeq 500/550 v2 Kits
- TruSeq Rapid v1 Kits – zestawy zostaną całkowicie wycofane z oferty do 30 czerwca br. Z możliwością dostawy jeszcze do 30 września br. Zestawy zostały zastąpione HiSeq® Rapid v2 SBS Kits oraz HiSeq Rapid v2 Cluster Kits
- Mikromacierz HumanHT-12 v4 Expression BeadChip Kit zostanie wycofana z Oferty do 9 grudnia br. Illumina zachęca do zastąpienia macierzy technologią sekwencjonowania następnej generacji. Polecane substytuty to TruSeq Stranded Total RNA oraz TruSeq RNA Access kits.

Multiplicom

Panele dr MID i możliwość sekwencjonowania paneli genowych MASTR i MASTR Plus na wszystkich platformach NGS Illuminy.

Z przyjemnością informujemy o wejściu na rynek nowego produktu firmy Multiplicom – zestawów drMID for Illumina NGS systems (nr kat ML-0208.240 oraz ML-0209.240), które rozszerzają gamę produktów umożliwiających indeksowanie próbek przygotowywanych do sekwencjonowania NGS. Nowy zestaw jest uzupełnieniem oferowanych dotąd kitów MID for Illumina MiSeq™ (ML-0204.240 oraz ML-0205.240) dając możliwość odczytywania sekwencji drugiego indeksu przez sekwenatory Illumina, które tego wymagają - NextSeq, MiniSeq i HiSeq 3000/4000.

Zestaw drMID for Illumina NGS systems pozwala na przyłączanie znaczników molekularnych (molecular identifiers – MIDs) oraz sekwencji adapterów do ampliconów wygenerowanych w technologii MASTR przygotowywanych do sekwencjonowania dwukierunkowego (dual read, dr) na wszystkich sekwenatorach Illumina. W skład zestawu wchodzi składniki wcześniejszego kitu MID for Illumina MiSeq™, uzupełnione o mieszaninę primerów dla drugiego indeksu, która pozwala na odczyt dwukierunkowy sekwenatorom Illumina.

Wszystkie dotychczasowe elementy zestawu (primery MID, Universal PCR Mix (UPM), Taq polimeraza DNA, GS-labeling MIX, mieszaniny primerów odczytu 1, 2 i indeksu 1) pozostają niezmienione.

Każdy zestaw drMID zawiera 8 określonych primerów MID p7 oraz 6 określonych primerów MID p5, dających możliwość uzyskania maksymalnie 48 kombinacji p7-p5. Połączenie dwóch zestawów: drMID (1-49) o nr kat ML-0208.240 oraz drMID (49-96) o nr kat ML-0209.240 umożliwia pulowanie do 96 specyficznie wyznakowanych próbek w jednej reakcji sekwencjonowania. Zawartość zestawu pozwala na wyznakowanie do 240 próbek.

Produkt jest przeznaczony do celów badawczych, do stosowania wyłącznie w połączeniu z panelami MASTR firmy Multiplicom.



Wraz z wprowadzeniem zestawów drMID for Illumina NGS systems producent udostępnił zaktualizowane protokoły dla wybranych paneli:

- BRCA Tumor MASTR Plus (RUO)
- Tumor Hotspot MASTR Plus (RUO)
- SOMATIC 2 MASTR Plus (RUO)
- SOMATIC 1 MASTR Plus (RUO)

Zaktualizowane instrukcje innych produktów zostaną udostępnione w późniejszym terminie.

Dotychczas dostępne zestawy MID for Illumina MiSeq (RUO) będą stopniowo zastępowane nowym produktem drMID for Illumina NGS systems (RUO). W planowanym 6-cio miesięcznym okresie przejściowym dostępne będą obydwie wersje zestawów. Do tego czasu producent deklaruje dostosowanie wszystkich paneli kompatybilnych dotąd z zestawami MID for Illumina MiSeq do protokołu połączonego z nowymi zestawami drMID for Illumina NGS systems.

Więcej informacji na temat drMID for Illumina NGS systems:

<http://multiplicom.com/news-press/895>

<http://multiplicom.com/product/drmid-illumina-ngs-systems-1>

Certyfikacja CE IVD dla panelu SOMATIC 1 MASTR Plus Dx

Jest nam niezmiernie miło poinformować Państwa o kolejnej nowości naszego belgijskiego partnera, firmy Multiplicom. Na rynek trafiła właśnie zaktualizowana wersja popularnego panelu SOMATIC 1. Produkt uzyskał certyfikację CE-IVD, ma również nowy protokół dostosowany do standardu MASTR Plus.

Nowy SOMATIC 1 MASTR™ Plus Dx Kit CE-IVD (nr kat MR-2182.024) to panel genowy przeznaczony do detekcji i identyfikacji wszystkich mutacji w genach KRAS, NRAS oraz BRAF stanowiących fragment kaskady przekazywania sygnałów zależnej od aktywacji receptora EGFR. Współwystępowanie dzikich typów genów KRAS, BRAF oraz NRAS gwarantuje zgodną z oczekiwaniami odpowiedź organizmu pacjenta na terapię inhibitorami EGFR i BRAF. SOMATIC 1 MASTR™ Plus Dx CE-IVD amplifikuje kompletne regiony kodujące genów NRAS, KRAS i BRAF z DNA preparatów tkanek utrwalonych formaliną/parafiną (FFPE).

Mutacje powyższych genów wykrywane są w nowotworach różnego rodzaju. Opisywane przypadki dotyczą np. raka jelita grubego, trzustki, czerniaka, gruczolakoraka pęcherzykowego tarczycy czy zaburzeń szpiku. Częstość występowania danych mutacji i sposób ich kosegregacji różnią się w nowotworach odmiennych rodzajów.

Test powiela 30 amplikonów, które są podzielone na 3 oddzielne grupy (tzw. plexy), co pozwala na elastyczny wybór genów do analizy. Jeśli potrzebne jest wzmocnienie pełnych regionów kodujących genów NRAS, KRAS i BRAF, do amplifikacji użyć należy wszystkich 3 pleksów. Alternatywnie, gdy wymagana jest tylko detekcja najczęściej występujących mutacji, stosuje się tylko plex 1.

Więcej informacji: <http://multiplicom.com/product/somatic-1-mastr-plus-dx>

Firma Multiplicom uzyskała pierwszy w Europie certyfikat CE-IVD dla panelu do diagnostyki towarzyszącej raka jajnika

Nasz partner, Multiplicom N. V., ogłosił informację o zdobyciu certyfikatu CE-IVD dla panelu BRCA Tumor MASTR™ Plus Dx. Jest to pierwszy europejski certyfikat dla produktu do molekularnej diagnostyki towarzyszącej w identyfikacji nowotworów jajnika powiązanych z mutacjami w genach BRCA1 i BRCA2, wykrywanych na podstawie analizy próbek guza utrwalonych w formalinie/parafinie (formalin-fixed paraffin-embedded – FFPE) u pacjentów typowanych do leczenia inhibitorami PARP (polimerazy poli(ADP-rybozy)).

Rak jajnika jest jednym z pięciu nowotworów powodujących najwyższą śmiertelność w Europie. Jego najczęstsza forma - niskozróżnicowany rak surowiczy jajnika (high-grade serous ovarian carcinoma) wiąże się z występowaniem mutacji w genach BRCA1 i BRCA2 u 30% pacjentów. „Liczba wariantów postępowania terapeutycznego jest ograniczona, ale kombinacja terapii celowanej z diagnostyką towarzyszącą daje lekarzom i pacjentom nowe możliwości. Istnieje pilna potrzeba, aby dowiedzieć się który pacjent zareaguje pozytywnie na terapię jeszcze zanim ją rozpoczniemy” - wyjaśnia Dirk Pollet, Dyrektor Generalny Multiplicom. „Nasz nowy panel BRCA Tumor MASTR™ Plus Dx pozwala w lokalnych laboratoriach identyfikować pacjentów, którzy odniosą korzyść z terapii określonymi lekami”.

W niespełna rok od powstania, firma Multiplicom, jako pierwsza w Europie, uzyskała w 2012 roku certyfikat CE-IVD dla zestawu potwierdzającego predyspozycje do wystąpienia nowotworów piersi i jajnika. Jako lider na rynku europejskim w testach diagnostycznych BRCA, Multiplicom obecnie poszukuje nowych obszarów rozwoju rozszerzając stale swoją ofertę diagnostyczną i realizując obietnicę spersonalizowanej medycyny.

[Diagnostyka towarzysząca \(companion diagnostics\).](#)

Koncepcja diagnostyki towarzyszącej (ang. companion diagnostics), polegająca na łączeniu dorobku terapii i diagnostyki z uwzględnieniem bezpośredniej molekularnej zależności między nimi, prowadzić ma między innymi do tworzenia nowych narzędzi diagnostycznych dla istniejących już na rynku leków.

Diagnostyka towarzysząca opiera się na tworzeniu testów identyfikujących pacjentów, których „genetyczny makijaż” wskazuje na wysokie prawdopodobieństwo pozytywnej reakcji na konkretnie dobrany lek. Zadaniem takich testów jest połączenie danego pacjenta ze skutecznym, w jego przypadku, lekiem. Wsparta diagnostyką towarzyszącą stratyfikacja terapii daje ogromną nadzieję na skuteczne leczenie szeregu nowotworów i innych ciężkich schorzeń a jej rosnąca dostępność zwiększa skuteczność i bezpieczeństwo terapii dobieranej do potrzeb pacjenta. Idea diagnostyki spersonalizowanej nabiera nowego – praktycznego – znaczenia.

Panel BRCA Tumor MASTR™ Plus Dx

Zestaw BRCA Tumor MASTR™ Plus Dx jest certyfikowanym panelem diagnostycznym przeznaczonym do identyfikacji mutacji somatycznych w kodujących regionach genów BRCA1 i BRCA2 u pacjentów diagnozowanych onkologicznie. W przypadku nowotworów mutacje w genach BRCA1 i BRCA2 mają wartość prognostyczną, ale również pozwalają przewidzieć reakcję na ukierunkowaną molekularnie terapię. Obecność mutacji BRCA1 i BRCA2 stanowi o wrażliwości komórek nowotworowych na terapię inhibitorami PARP (PARPi).

Panel BRCA Tumor MASTR™ Plus Dx może być użyty jako kryterium diagnostyczne dla leczenia inhibitorami PARP dopuszczonymi do leczenia niskozróżnicowanych raków surowiczych jajnika u pacjentów z mutacjami w genach BRCA1 lub BRCA2 potwierdzonych w tkance guza.

Więcej informacji: <http://www.multiplicom.com/product/brca-tumor-mastr-plus-dx#what>

Sage Science

Genotypowanie z wykorzystaniem metody RAD-Seq

W ostatnim czasie bardzo popularną metodą genotypowania jest technika RAD-Seq (Restriction-site Associated DNA tags sequencing). Umożliwia ona identyfikację nawet do 100 000 SNP w obrębie całego genomu i można ją z powodzeniem stosować rozmaitych organizmów, także nie modelowych. Wspomniana metoda pozwala na skuteczną identyfikację SNP oraz ocenę wariantów genetycznych dla wielu prób jednocześnie przy niewielkim nakładzie finansowym. Protokół RAD-Seq stosowany jest m.in. przez wielu genetyków roślin, a także w badaniach nad rozwojem ewolucyjnym, czy w analizach populacyjnych.

Metoda wykorzystuje enzymy restrykcyjne, które w określony sposób fragmentują sekwencję genomową badanego organizmu. W celu utworzenia biblioteki NGS do tak uzyskanych fragmentów DNA dołączane są stosowne adaptory i sekwencje indeksujące. Aby wydajność przygotowania biblioteki NGS była duża, a sama biblioteka wysokiej jakości istotnym jest, żeby składała się ona z fragmentów DNA o założonym przedziale wielkości cząsteczek. Idealnym narzędziem do automatycznej selekcji fragmentów DNA o pożądanej wielkości okazują się asystemy Pippin Prep oraz BluePippin. Przegląd prac dotyczących badań typu RAD-Seq, w których wykorzystywano urządzenia Pippin dostępny jest tu: <http://www.sagescience.com/blog/building-on-a-rad-idea/>

Od początku 2016 roku ukazało się już ponad 40 prac opisujących wyniki uzyskane metodą RAD-Seq. Naszą szczególną uwagę zwrócił opublikowany na łamach „Methods in Ecology i Evolution” artykuł autorstwa Drew Schield i współpracowników z Uniwersytetu Teksaskiego w Arlington. Grupa badaczy opracowała ciekawą modyfikację opisywanej metody. Na potrzeby doświadczenia mającego na celu porównanie wzoru metylacji genomu rozwielitek (*Daphnia ambigua*) których populacje hodowane były w obecności ryb drapieżnych i tych hodowanych w zbiorniku wodnym wolnym od drapieżników opracowano protokół RAD-Seq wykorzystujący enzym restrykcyjny HpaII, który nie może skutecznie ciąć docelowych sekwencji jeśli znajdują się one w wyspach CpG. Publikacja wydaje nam się ciekawa, gdyż opisuje sposób na ekonomiczne przygotowanie bibliotek NGS służących do badania metylacji genomów organizmów nie będących modelowymi.

Pełną treść publikacji autorów, którzy opracowali technikę EpiRADseq można pobrać tutaj: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/2041-210X.12435/abstract>

Nowy typ 0,75% kaset żelowych do SageELF



Od kilku tygodni w sprzedaży dostępny jest nowy typ kaset żelowych dedykowanych do rozdziału dużych fragmentów DNA (pomiędzy 10 kb a 40 kb) w aparacie Sage ELF. Nowy produkt dostępny jest w dwóch formatach opakowań: zawierającym 4 kasety wraz z odczytnikami (nr kat LED4004) oraz 10 kaset wraz ze stosowną ilością odczytników (nr kat ELD 4010).

Użytkownikom systemów SageELF przypominamy, że przed rozpoczęciem pracy z najnowszym typem kaset żelowych należy prowadzić aktualizację oprogramowania aparatu. W tym celu należy pobrać plik SageElf Software v 1.03 z zakładki wsparcia technicznego dla SageELF zlokalizowanej na stronie internetowej producenta.

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 najbliższych tygodniach zespół Illumina Technical Support omówi „na żywo” następujące tematy:

HiSeq 3000 i HiSeq 4000, omówienie własności i możliwości zastosowania urządzeń

[7 lipca](#)

Szlak TruSeq RNA i TruSeq DNA w praktyce, jak sobie radzić z najczęściej spotykanymi trudnościami

[12 lipca](#)

Wprowadzenie do analizy danych z RNA-Seq

[13 lipca](#)

Metagenomika i sekwencjonowanie bibliotek ampikonowych 16S

[19 lipca](#)

Forum dyskusyjne: HiSeq Troubleshooting

[28 lipca](#)

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 bieżących 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>

... konferencji i sympozjów w Polsce

2nd CENTRAL EUROPEAN BIOMEDICAL CONGRESS "From emerging biomedical strategies to personalized medicine". Kraków, 15-18.06.2016

<http://if-pan.krakow.pl/cebcb/>

Wprowadzenie do obróbki danych NGS – kurs. Poznań, 24.06.2016

http://ideas4biology.com/pl/kurs_24_06_2016.php

17. Europejski Kongres Biotechnologii (ECB). Kraków, 3-6.07.2016

<http://ecb16.com/>

Genetyka Kliniczna Nowotworów 2016. Szczecin, 14-15.09.2016

http://genetyka.com/?page_id=641

2nd Congress BIO 2016 „Expanding beyond the limits”. Wrocław, 13-16.09.2016

<http://bio2016.ptbioch.edu.pl/>

Polski Kongres Genetyki 2016. Łódź, 19-22.09.2016

<http://kongresgenetyki2016.pl/>

EFLM-UEMS Congress. Warszawa, 21-24 września 2016

www.eflm-uems.warsaw2016.eu

... konferencji zagranicznych

International Society for Stem Cell Research (ISSCR 2016).

Stany Zjednoczone, San Francisco (CA), 22-25.06.2016

<http://www.isscr.org/home/annual-meeting/san-francisco-2016>

European Society of Human Reproduction & Embryology (ESHRE) Annual Meeting.

Finlandia, Helsinki, 3-6.07.2016.

<https://www.eshre2016.eu/>

24th Biennial Congress of the European Association for Cancer Research (EACR24), Wielka Brytania, Manchester, 9-12.07.2016

<http://eacr24.eacr.org/>

Oxford Genomic Forum 2016. Wielka Brytania, Oxford, 13.07.2016

<https://biotexcel.com/event/oxford-genomics-forum-2016/#tab3>

21st International Chromosome Conference. Hiszpania, Foz do Iguacu, 10-13.07.2016
<http://www.ibb.unesp.br/#!/icc2016>

ISPD-International Society for Prenatal Diagnosis. Niemcy, Berlin, 10-13.07.2016
<http://2016.ispdhome.org/>

International Association for Breast Cancer Research Conference (IABCR). Stany Zjednoczone, Portland (OR) 4-7.08.2016
<https://www.ohsu.edu/xd/health/services/cancer/research-training/iabcr-2016.cfm>

Moving Forward with Stem Cell Technology. Wielka Brytania, Londyn, 6-8.09.2016
<http://lifescienceevents.com/stemtherapy2016/>

Single Cell Genomics 2016. Wielka Brytania, Cambridge, 14-16.09.2016
<https://registration.hinxton.wellcome.ac.uk/events/item.aspx?e=596>

Big Data in Biology and Health – EMBL Wellcome Genome Campus Conference. Niemcy, Heidelberg, 25-27.09.2016
<http://www.embl.de/training/events/2016/BIG16-01/index.html>

International Symposium on Human Identification (ISHI). Stany Zjednoczone, Mineapolis (MN), 26-29.09.2016
<http://ishinews.com/>

Immunogenomics 2016. Stany Zjednoczone, Huntsville (AL), 26-28.09.2016
<http://hudsonalpha.org/immunogenomicsconference/>

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.

OpenExome s.c. | ul. Schroegera 82 | 01-828 Warszawa | (+48) 22 465 25 27 | community@openexome.pl

[Zrezygnuj z otrzymywania wiadomości](#)