

Szanowni Państwo!

Przedstawiamy nowe wydanie newslettera. Zapraszamy do lektury pracy o zastosowaniu sekwencjonowania następnej generacji (NGS) w genomice kryminalistycznej i sądowej, pracy przeglądowej o roli mikroRNA w rozwoju zespołu stresu pourazowego, pracy o próbach opracowania algorytmu mającego pomóc w opracowaniu spersonalizowanych szczepionek na raka, a także o genomie koników morskich. W kolejnych rozdziałach periodyku znajdziecie Państwo informacje od naszych Partnerów.

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

Zespół OpenExome

| | | |
|----------------------------|---|---|
| CIĘKAWY PUBLIKACJE | Przyszłość genomiki kryminalistycznej i sądowej MikroRNA odgrywa ważną rolę w zespole stresu pourazowego Czy algorytm pomoże w opracowaniu szczepionki na raka? Tajemnice koników morskich ukryte w genach |  |
| INFORMACJE OD PARTNERÓW | Illumina Multiplicom |  |
| NADCHODZĄCE WYDARZENIA | Konferencje interaktywne „Postępy Onkologii” MASTR Workshop Konferencja Preimplantation Genetic Diagnosis International Society (PGDIS) American Association for Cancer Research (AACR) Annual Meeting Bio-IT World Conference & Expo (BIO IT) Konferencja European Society of Human Genetics (ESHG) Konferencja European Society of Human Reproduction and Embryology (ESHRE) Konferencja Neuroscience 2017 |  |

CIĘKAWY PUBLIKACJE

Przyszłość genomiki kryminalistycznej i sądowej

Sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) stało się technologią tej generacji i stale zmienia możliwości laboratoriów kryminalistycznych. Systemy do sekwencjonowania równoległego zastępują

starsze metody zwiększając wydajność i czułość testów.



[Kliknij tutaj](#) Link do strony źródłowej

Genotypowanie krótkich powtórzeń tandemowych (STR) było używane w kryminalistyce przez ponad 20 lat. W tej metodzie używa się PCR i rozdziału w elektroforezie kapilarnej (CE), a następnie rozpoznaje długość fragmentów znakowanych fluorescencyjnie.

Genotypowanie STR na chromosomach autosomalnych, chromosomie X oraz Y, a także badanie polimorfizmu pojedynczych nukleotydów (SNP) można wykonywać w oddzielnych protokołach elektroforezy kapilarnej. Ponadto metoda rozdziału w elektroforezie kapilarnej ma ograniczenia przepustowości, skalowalności i rozdzielczości alleli, a maksymalna liczba loci analizowanych w jednym eksperymencie jest ograniczona do 24. Ponadto protokoły bazujące na technice elektroforezy kapilarnej wymagają indywidualnej analizy próbek i umożliwiają badanie alleli tylko na podstawie długości, nie wykrywają więc różnic w sekwencji alleli o tej samej długości. Kolejną wadą tej metody jest trudność analizy próbek o małej zawartości wzorcowego DNA.

Sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) jest metodą znaną od ponad dziesięciu lat. Głównymi zaletami NGS są niskie koszty, możliwość sekwencjonowania wielu próbek jednocześnie. Dzięki tym cechom NGS znalazło zastosowanie w wielu dziedzinach badań między innymi w biologii ewolucyjnej, onkologii, genomice mikrobiologicznej, agrogenomice i genomice chorób na całym świecie.

Cechy metody NGS pozwalają na zastąpienie metody bazującej na elektroforezie kapilarnej wraz z jej ograniczeniami również w genomice kryminalistycznej i sądowej. NGS w kryminalistyce opiera się na sekwencjonowaniu przez syntezę. Zaletą tego rodzaju sekwencjonowania jest to, że minimalizuje ryzyko błędów związanych z regionami homopolimerycznymi i powtarzalnymi fragmentami DNA.

Pierwszy w pełni zwalidowany system do kryminalistycznej i sądowej analizy NGS ma wiele dodatkowych zalet: umożliwia powielenie i zsekwencjonowanie amelogeniny, 27 autosomalnych STR, 24 Y-STR, 7 X-STR, 94 informatywnych polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (iiSNP), a także SNP określających pochodzenie biogeograficzne oraz fenotypowo informatywnych SNP określających kolor włosów i oczu.

Oprogramowanie dla systemu NGS zostało opracowane we współpracy z ekspertami z laboratoriów genetyki kryminalistycznej i sądowej na całym świecie. Software pozwala na estymację pochodzenia biogeograficznego a także koloru włosów i oczu.

System NGS umożliwia analizę dziesięciokrotnie większej liczby loci niż metody oparte na elektroforezie kapilarnej. Podczas jednej analizy można zbadać do 96 próbek używając 1ng lub mniej wzorcowego DNA. Ponadto NGS umożliwia rozróżnienie alleli STR o tej samej długości i innej sekwencji. Pozwala na analizę próbek z małą ilością DNA, jest w pełni kompatybilny ze światowymi bazami danych STR stworzonymi przy użyciu starszych metod. NGS umożliwia ustalenie zależności rodzinnych oraz

identyfikację osób przy użyciu STR X i Y bez potrzeby wykonywania wielokrotnych testów. Dzięki temu zmniejsza się użycie próbek DNA i konieczność decydowania, które oznaczenia wykonać, ponieważ wszystkie rodzaje ważnych loci są powielane na jednym multiplexie. Kryminolodzy mogą dzięki temu odpowiedzieć na zdecydowanie więcej pytań po wykonaniu jednej analizy.

Pełen tekst artykułu znajdziecie Państwo na stronie:

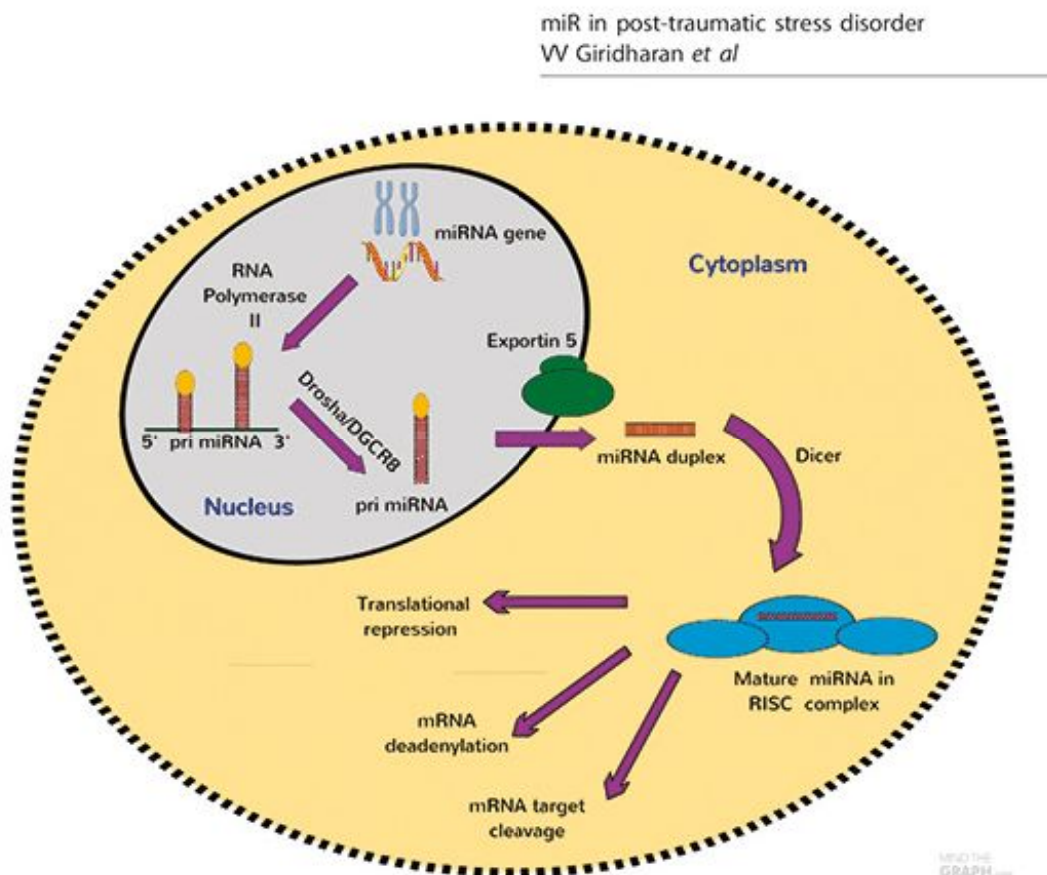
[Kliknij tutaj](#)

MikroRNA odgrywa ważną rolę w zespole stresu pourazowego

Zespół stresu pourazowego (PTSD) jest chorobą psychiczną dotykającą około 2-9% osób doświadczających traumatycznych sytuacji takich jak poważne wypadki, wykorzystywanie seksualne, wojna, czy katastrofy naturalne. U pacjentów chorujących na PTSD w wyniku narażenia na traumatyczne przeżycia dochodzi do modyfikacji epigenetycznych, które w znaczący sposób wpływają na rozwój choroby i rokowanie.

Przez ostatnie 20 lat stwierdzono, że nieprawidłowa ekspresja mikroRNA (miRNA) jako czynnika regulatorowego biorącego udział w modyfikacjach epigenetycznych, jest znacząca dla rozwoju i przebiegu chorób takich jak nowotwory, choroby serca, czy infekcje wirusowe. Podobnie w psychiatrii znana jest rola zmian w sygnalizacji za pośrednictwem miRNA w chorobach psychicznych i neurologicznych takich jak schizofrenia, choroba afektywna dwubiegunowa, autyzm czy zespół Tourette'a

Nieprawidłowości w ekspresji miRNA wpływają na ekspresję wielu genów przez co są odpowiedzialne zmiany molekularne obserwowane również w patogenezie PTSD.



miRNA ma wpływ na uwalnianie neuroprzekazników, na przykład miR-130a i miR-206 hamują syntezę

substancji P, podczas gdy interleukina 1alfa obniża ekspresję tych miRNA. Z badań na mysim modelu PTSD wiadomo, że ważną rolę w rozwoju choroby i reakcji na leki z grupy selektywnych inhibitorów wychwytu zwrotnego serotoniny odgrywa miR-1971. Z kolei badania na szczurach wykazały, że miR-142-5p, miR-19b, miR-1928, miR-223 oraz miR-421-3p mogą odgrywać ważną rolę w regulacji genów związanych z opóźnionym i wyolbrzymionym strachem. Dowiedziono że ekspresja enzymu DICER1 odpowiedzialnego za powstawanie dojrzałego miRNA jest znacząco obniżona u pacjentów chorych na PTSD, podobnie jak poziom miR-3130-5p.

Wiedza na temat roli miRNA w rozwoju PTSD otwiera nowe możliwości diagnostyczne oraz terapeutyczne.

Więcej informacji znajdziecie Państwo na stronach:

<http://www.nature.com/tp/journal/v6/n11/abs/tp2016220a.html>

<http://www.nature.com/tp/journal/v6/n11/pdf/tp2016220a.pdf>

Czy algorytm pomoże w opracowaniu szczepionki na raka?

Dwie amerykańskie organizacje non-profit planują przy użyciu programów komputerowych opracować algorytm predykcyjny, który pozwoliłby w wyborze kandydata na indywidualną szczepionkę z DNA nowotworu pacjenta.

Jeśli wysiłek się powiedzie, może zapoczątkować rozwój produkcji spersonalizowanych szczepionek przeciwko nowotworom, które wykorzystają fragmenty zmutowanych białek do pobudzenia naturalnych reakcji odpornościowych organizmu do walki z rakiem. Ponieważ szczepionki bazują na mutacjach obecnych tylko w komórkach nowotworowych, a nie zdrowych, jest nadzieja, że będzie to nietoksyczny dla organizmu sposób walki z rakiem.

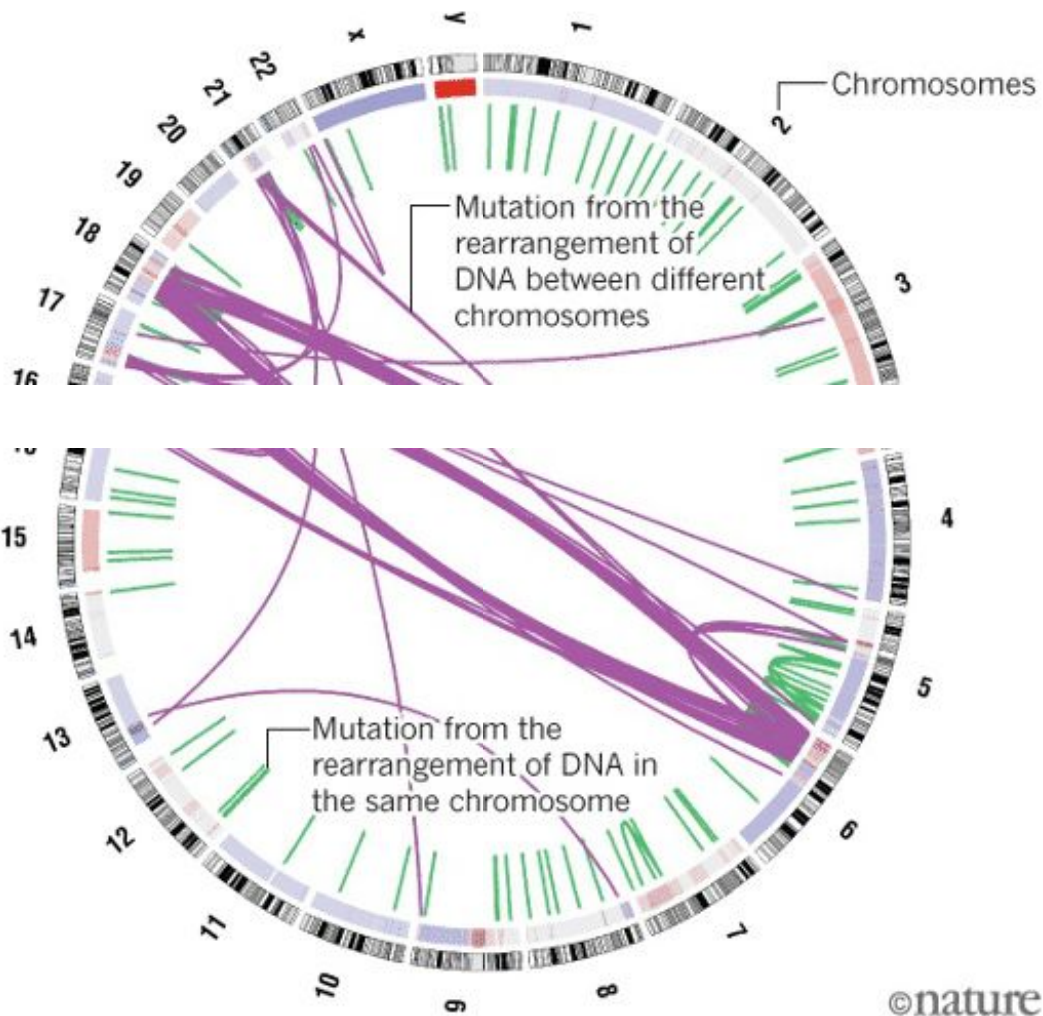
Dobry kandydat na szczepionkę musi być zmutowanym białkiem rozpoznawanym przez limfocyty T, co oznacza że białko to musi być przez komórki guza cięte na fragmenty, które następnie zostaną związane przez wyspecjalizowane białka i zaprezentowane na powierzchni komórek nowotworowych.

Trik polega na wyborze odpowiednich mutacji. „Możemy sekwencjonować DNA guza, żeby znaleźć mutacje nowotworowe, ale bardzo ciężko przewidzieć które z tych dziesiątek, setek lub tysięcy mutacji okażą się skuteczne i ochronią ludzi przed wzrostem ich nowotworów” tłumaczy Pramod Srivastava, immunolog z University of Connecticut School of Medicine w Farmington.

Jednym ze sposobów jest wykorzystanie algorytmów do określenia które fragmenty zmutowanego białka są rozpoznawane przez limfocyty T. Algorytmy te analizują potencjalne miejsca cięcia białek i przewidują które z powstałych w ten sposób fragmentów będą się wiązały z białkami prezentującymi fragmenty na powierzchni komórek nowotworowych.

MUTATION MAP

The hundreds of mutations in the genome of a melanoma tumour could be used to induce an immune attack on cancer cells without harming healthy cells — and can be visualized as a map.



Source: M. F. Berger et al. Nature 485, 502–506 (2012)

Do tej pory każde z laboratoriów miało swoich kandydatów i swoje algorytmy, niemniej jednak zwykle wykazywały one niską około 40 procentową skuteczność.

Aby rozwiązać ten problem, Instytut Parker oraz Instytut Badań nad Rakiem rozpoczęły program, w którym udział weźmie 30 laboratoriów, które już stosują algorytmy. Analizowane sekwencje będą pochodziły z nowotworów, takich jak czerniak i nowotwór płuc, które wydają się mieć wiele setek mutacji, a tym samym mogą zapewnić szerokie możliwości stworzenia szczepionki.

Inne laboratoria będą sprawdzały czy limfocyty T rozpoznają wybrane fragmenty, a zatem czy są one dobrymi kandydatami na szczepionkę. Naukowcy mają nadzieję, że dzięki współpracy uda się wybrać najbardziej skuteczne algorytmy do zaprojektowania szczepionek do badań klinicznych

Źródła:

[http://www.nature.com/news/algorithms-compete-to-predict-recipe-for-cancer-vaccine-1.21152?](http://www.nature.com/news/algorithms-compete-to-predict-recipe-for-cancer-vaccine-1.21152?WT.mc_id=SFB_NNEWS_1508_RHBox)

[WT.mc_id=SFB_NNEWS_1508_RHBox](http://www.nature.com/news/algorithms-compete-to-predict-recipe-for-cancer-vaccine-1.21152?WT.mc_id=SFB_NNEWS_1508_RHBox)

Tajemnice koników morskich ukryte w genach

Koniki morskie są delikatnymi, niepodobnymi do żadnych innych stworzeniami. Są pokryte płytkami kostnymi, pływają pionowo, tworzą monogamiczne pary. Są znane z tego, że to samiec jest w ciąży i rodzi młode.

Teraz naukowcy przy użyciu platformy Illuminy HiSeq 2000 zsekwencjonowali genom konika morskiego. Poznali rodzinę genów odpowiedzialną za rozwój młodych w specjalnej kieszonce w ciele samca. Stwierdzili brak niektórych genów regulatorowych obecnych u ryb, dzięki którym wyewoluował kształt ciała koników morskich.

W genomie koników nie ma genów odpowiedzialnych za rozwój zębów, a brak genu *tbx4* znanego regulatora rozwoju kończyn, prawdopodobnie przyczynił się do utraty płetw brzusznych.

Na podstawie badań do niezwykłych cech konika morskiego możemy dodać relatywnie wysokie tempo ewolucji genów, w porównaniu do innych ryb.

Źródła:

[Kliknij tutaj](#)

INFORMACJE OD PARTNERÓW



Pomoc w sekwencjonowaniu dla dzieci z chorobami rzadkimi

Firma Illumina razem z Fundacją Dzieci z Kalifornii, Instytutem Rare Genomics, Uniwersytetem Kalifornijskim i Szpitalem Dziecięcym San Francisco Benioff uruchomiła program pomocy w sekwencjonowaniu całego genomu.

Program nazywa się iHope i ma na celu pomoc dzieciom z niezdiagnozowanymi chorobami rzadkimi, których rodziców nie stać na sekwencjonowanie diagnostyczne.

W pierwszym roku firm Illumina planuje pomóc w sekwencjonowaniu 100 pacjentów i ich rodziców.

“Poznanie zakresu i wielkości populacji dotkniętej chorobami rzadkimi, pomoże nagłośnić istnienie tego problemu i znaleźć rozwiązania dla dotkniętych nim rodzin” mówi Francis deSouza dyrektor firmy Illumina.

Specjaliści i partnerzy programu iHope będą wybierać uczestników i kierować ich do programu. Firma Illumina bezpłatnie przeprowadzi sekwencjonowanie całego genomu wybranych uczestników w certyfikowanym laboratorium.

“Sekwencjonowanie całego genomu jest bardzo wartościową metodą pozwalającą wykryć rzadkie niezdiagnozowane choroby. Mam nadzieję, że proces ten stanie się rutynową praktyką medyczną” mówi Jimmy Lin założyciel i dyrektor Instytutu Rare Genomics i dodaje, że dzięki temu dzieci nie będą musiały cierpieć z powodu przedłużających się badań.

Nowe narzędzie do wybierania najlepszej metody sekwencjonowania

Sequencing Method Selector to nowe narzędzie stworzone, żeby pomagać naukowcom w wyborze najbardziej odpowiedniej metody sekwencjonowania następnej generacji (NGS) do prowadzonego przez nich projektu.

Narzędzie opiera się na najnowszej literaturze dotyczącej NGS, jest darmowe. Pozwala na wybór z ponad 200 sposobów przygotowania próbek do sekwencjonowania, pozwala na analizę plusów i minusów danej metody oraz przegląd streszczeń publikacji. Narzędzie jest dostępne na urządzeniach mobilnych.

Panel TruSight Tumor 170 – nowość w katalogu Illumina

W listopadzie firma Illumina wypuściła na rynek TruSight® Tumor 170, zestaw umożliwiający analizę 170 genów nowotworowych przy użyciu techniki sekwencjonowania następnej generacji (NGS).

TruSight Tumor 170 pozwala na badanie DNA i RNA w jednym protokole, analizę zmian genetycznych związanych z procesem nowotworzenia, w tym badanie amplifikacji, fuzji genowych i wariantów splicingu.

Zestaw wymaga użycia jedynie 40ng DNA lub RNA z próbek parafinowych utrwalanych formaliną.

Więcej informacji znajdziecie Państwo na stronach:

<http://www.illumina.com/TruSightTumor170>

<http://www.illumina.com/company/news-center/press-releases/press-release-details.html?newsid=2220117>

TruSeq® Methyl Capture EPIC Library Prep Kit – nowe rozwiązanie do badania modyfikacji epigenetycznych



Zestaw zapewnia wysokie pokrycie regionów epigenetycznych, zawiera wszystkie odczynniki niezbędne do badania metylacji, wymaga użycia 500ng ludzkiego DNA. Stworzenie wzbogaconych bibliotek (do 48) zabiera niecałe 2 dni. Jest kompatybilny z systemami NextSeq 550, HiSeq 3000, NextSeq 500, HiSeq 2500 i HiSeq 4000.

Szczegóły znajdziecie Państwo odwiedzając stronę:

[Kliknij tutaj](#)

Firma Illumina przygotowała dwa Ebooki na temat zalet wykorzystania sekwencjonowania następnej generacji (NGS) i badania ekspresji genów

Pierwszy z nich zawiera informacje dotyczące sekwencjonowania RNA i badania ekspresji genów, pozwala dowiedzieć się jak wybrać odpowiednią metodykę badań od przygotowania bibliotek i sekwencjonowania aż po analizę otrzymanych danych. Drugie jest przewodnikiem po technice NGS, przedstawia jej zalety i przykłady konkretnych zastosowań.



The Next Generation of Gene Expression Profiling with RNA-Seq – eBook Released

This comprehensive eBook discusses genomics applications in gene expression_ and gene regulation research and describes the complete the picture of current RNA-Seq methods. See how RNA-Seq is driving research such as fusion detection in cancer research, detection of emerging pathogens, biomarker discovery, and more. Read [the eBook](#) today and empower your genomics research.

eBook Released—The Benefits of NGS Targeted Resequencing



Today, next-generation sequencing (NGS) is paving the way for more efficient and comprehensive variant detection methods. The [Targeted NGS Guide](#) provides a comprehensive review of cutting-edge targeted resequencing methods. Learn how to move beyond qPCR and Sanger sequencing to advance research faster and more efficiently than before. For brief articles and news stories about targeted resequencing, read the November [iCommunity Newsletter](#).

Na stronie firmy Illumina dostępny jest ciekawy artykuł dotyczący wykorzystania techniki

NGS i systemów MiSeq® i NextSeq® 500 do sekwencjonowania RNA i eksomu oraz badania wiązania białek do DNA (ChIP) przez naukowców z laboratorium Centre Georges-François Leclerc zajmującego się molekularnymi podstawami chorób nowotworowych.

Szczegółowe informacje znajdziecie Państwo na poniższych stronach internetowych:

[kliknij tutaj](#)

Z oferty firmy wycofane zostały:

- **Infinium® OmniExpress-24 v1.1 BeadChip Kit**, który zastąpiony został wersją [v1.2](#)
 - **Infinium OmniExpressExome-8 v1.3 BeadChip Kit**, który zastąpiony został wersją [v1.4](#)
 - **HumanHT-12 v4 Expression BeadChip Kit**, który zastąpić można zestawami [TruSeq Stranded Total RNA](#) oraz [TruSeq RNA Access](#)
-
-



Publikacja o wykorzystaniu panelu BRCA MASTR Dx do badania prób biopsyjnych z nowotworów piersi i jajnika

Międzynarodowa grupa badaczy Stéphane Béziau testowała zastosowanie zestawu BRCA MASTR Dx firmy Multiplicom do analizy genów BRCA1 i BRCA2 z mrożonej tkanki nowotworowej.

Mutacje w genach BRCA1 i BRCA 2 są odpowiedzialne za wrodzoną postać raka piersi i jajników. Sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) umożliwia detekcję mutacji w tych genach, niemniej jednak niska jakość DNA otrzymywanego z parafinowych próbek utrwalanych formaliną powoduje, że duża część analiz nie nadaje się do interpretacji. Dużo lepszym materiałem do badania są próbki tkanki mrożonej.

Skuteczność zestawu BRCA MASTR Dx badano na DNA izolowanym z 97 próbek mrożonej tkanki. Wyniki wszystkich analiz nadawały się do interpretacji. Stwierdzono ponad 97% czułość, specyficzność i dokładność metody, którą można porównać do skuteczności analizy DNA izolowanego z próbek krwi.

Wyniki badania potwierdziły, że mrożona tkanka nowotworowa może być używana w rutynowej diagnostyce mutacji w genach BRCA przy użyciu zestawu BRCA MASTR Dx.

Pełen tekst publikacji znajdziecie Państwo na stronie:

[kliknij tutaj](#)

Informacje na temat publikacji opracowane przez firmę Multiplicom znajdują się na stronie:

[kliknij tutaj](#)

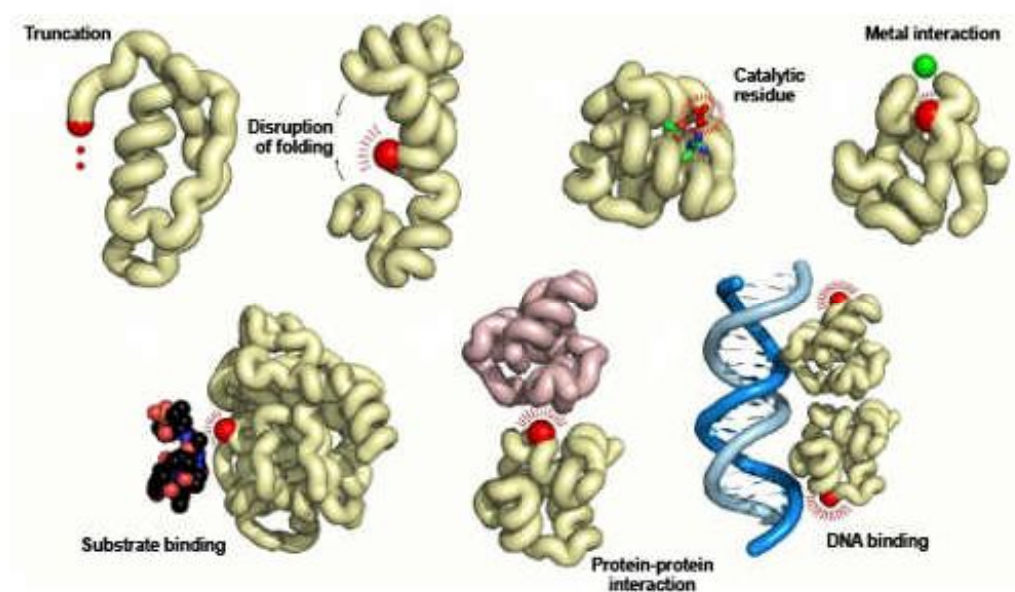
Sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) w diagnostyce hipercholesterolemii rodzinnej

Hipercholesterolemia rodzinna jest jedną z najczęściej występujących chorób dziedzicznych, jest dziedziczona autosomalnie dominująco. Charakteryzuje się znacznie podwyższonym poziomem cholesterolu LDL w surowicy, oraz wysokim ryzykiem przedwczesnego rozwoju choroby wieńcowej i miażdżycy.

Ryzyko można obniżyć dzięki wczesnej diagnostyce i podjęciu leczenia. Chorobę rozpoznaje się na podstawie znacząco podniesionego poziomu cholesterolu całkowitego, historii wczesnych chorób układu sercowo naczyniowego w rodzinie, obecności żółtaków ścięgien i obwódek rogówki.

Możliwe jest również rozpoznanie na podstawie wyników badania wariantów genów zaangażowanych w rozwój hipercholesterolemii. Większość pacjentów jest heterozygotycznymi nosicielami warunkującego chorobę wariantu genu kodującego receptor LDL (LDLR), rzadziej choroba spowodowana jest mutacją genu apolipoproteiny B (apoB) czy PCSK9 (proprotein convertase subtilisin/kexin type 9).

Słowenia jest jedynym krajem, który wdrożył program badań przesiewowych dla dzieci 5 letnich, dzięki czemu możliwe jest rozpoznanie choroby u dzieci bez stwierdzonej wcześniej hipercholesterolemii w rodzinie.



<http://cfgbc.mf.uni-lj.si/2016data4life/abstracts/abstractsLectures.html>

Celem badania naukowców ze Słowenii było zdiagnozowanie hipercholesterolemii wśród grupy dzieci ze stwierdzonym w badaniach przesiewowych podniesionym poziomem cholesterolu. Przeprowadzono genotypowanie techniką NGS wariantów 4 genów związanych z chorobą LDLR, PCSK9, APOE i APOB przy użyciu zestawu ADH MASTR v1 firmy Multiplicom na platformie MiSeq firmy Illumina.

Okazało się, że 38.6% pacjentów miało związany z rozwojem choroby wariant genu LDLR, a 18.4% wariant genu APOB. Program badań przesiewowych charakteryzował się bardzo wysoką czułością, specyficznością i dokładnością. Dzięki badaniom potwierdzono występowanie hipercholesterolemii u ponad 50% dzieci z podwyższonym poziomem cholesterolu, co pozwala przewidywać, że program przesiewowy umożliwia zdiagnozowanie choroby u wszystkich dzieci w populacji.

Jednocześnie wyniki pracy dowodzą, że sekwencjonowanie następnej generacji jest skutecznym narzędziem diagnostycznym we wczesnym wykrywaniu hipercholesterolemii rodzinnej.

Pełen tekst pracy znajdziecie Państwo na stronie:

<http://cfgbc.mf.uni-lj.si/2016data4life/abstracts/abstractsLectures.html>

Informacje na temat zestawu ADH MASTR v2 znajdziecie Państwo na stronie:

<http://www.multiplicom.com/product/adh-mastr-v2>

NADCHODZĄCE WYDARZENIA

Konferencje interaktywne „Postępy Onkologii”

<http://www.po2017.viamedica.pl/PL/Zaproszenie/index.phtml>:

- Poznań 28.01.2017 http://www.po2017.viamedica.pl/PL/Poznan/Poznan_index.phtml
- Kraków 18.02.2017 http://www.po2017.viamedica.pl/PL/Krakow/Krakow_index.phtml
- Białystok 25.02 http://www.po2017.viamedica.pl/PL/Bialystok/Bialystok_index.phtml

MASTR Workshop

22-24.02.2017 Niel

<http://www.multiplicom.com/mastr-facility#627>

Konferencja Preimplantation Genetic Diagnosis International Society (PGDIS)

26-29.03.2017 Walencja

<http://mkto-h0034.com/x0X0000J28o0nkE0Rw9OhXB>

American Association for Cancer Research (AACR) Annual Meeting

1-5.04.2017 Waszyngton

<http://mkto-h0034.com/LB92XE00o09J0XSh00n0w0k>

Bio-IT World Conference & Expo (BIO IT)

23-25.05.2017 Boston

<http://mkto-h0034.com/O0J0O9BX0200kXnc0V0wohE>

Konferencja European Society of Human Genetics (ESHG)

27-30.05.2017 Kopenhaga

<http://mkto-h0034.com/f00Jw0n0hd00oE2BXkXW009>

Konferencja European Society of Human Reproduction and Embryology (ESHRE)

2-5.07.2017 Genewa

<http://mkto-h0034.com/ZEk9O0oZw0000B0hg20nXXJ>

Konferencja Neuroscience 2017

11-15.11.2017 Waszyngton

<https://www.sfn.org/annual-meeting/neuroscience-2017>

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

community@openexome.pl

OpenExome s.c. | Ul. Żwirki i Wigury 101 lok. 5.22 | 02-096 Warszawa | (+48) 22 552 67 16

Kliknij, aby się wypisać