

Szanowni Państwo!

Przedstawiamy nowe wydanie newslettera. Zapraszamy do zapoznania się z treścią pracy o wpływie przewlekłego bólu i stresu na ekspresję genów oraz związku tych czynników z rozwojem depresji. Ponadto chcielibyśmy polecić Państwa uwadze pracę przedstawiającą skuteczną i wydajną metodę sekwencjonowania genomów małych wirusów RNA.

W kolejnych rozdziałach periodyku znajdziecie Państwo wiadomości od naszych Partnerów oraz zaproszenie na webinar na temat cytometrii mas organizowany 20 czerwca przez firmę Fluidigm.

Jak co miesiąc pod koniec newslettera przypominamy o zbliżających się wydarzeniach.

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

Zespół OpenExome

CIEKAWY PUBLIKACJE	Przewlekły ból i stres wpływają na ekspresję genów Dobra i wydajna metoda sekwencjonowania i analizy genomów małych wirusów RNA	
INFORMACJE OD PARTNERÓW	Illumina Fluidigm	
NADCHODZĄCE WYDARZENIA	40th European Cystic Fibrosis Society Conference XVI Zjazd Polskiego Towarzystwa Immunologii Doświadczalnej i Klinicznej BIT17 Bioinformatics in Toruń ASCO Annual Meeting 22nd Congress of European Hematology Association EUROBIOTECH 6th Central European Congress of Life Science	

CIEKAWY PUBLIKACJE

Przewlekły ból i stres wpływają na ekspresję genów

Przewlekły ból, podobnie jak stres, prowadzi do rozwoju depresji. Neurobiolodzy z Icahn School of Medicine at Mount Sinai w Nowym Jorku badali jak zmienia się ekspresja genów w różnych regionach mózgu myszy, które na skutek uszkodzenia połączeń nerwowych doświadczały przewlekłego bólu. Okazało się, że zmiany dotyczą tych samych ścieżek sygnałowych, w których zmiany obserwuje się u pacjentów chorych na depresję

i zaburzenia lękowe.

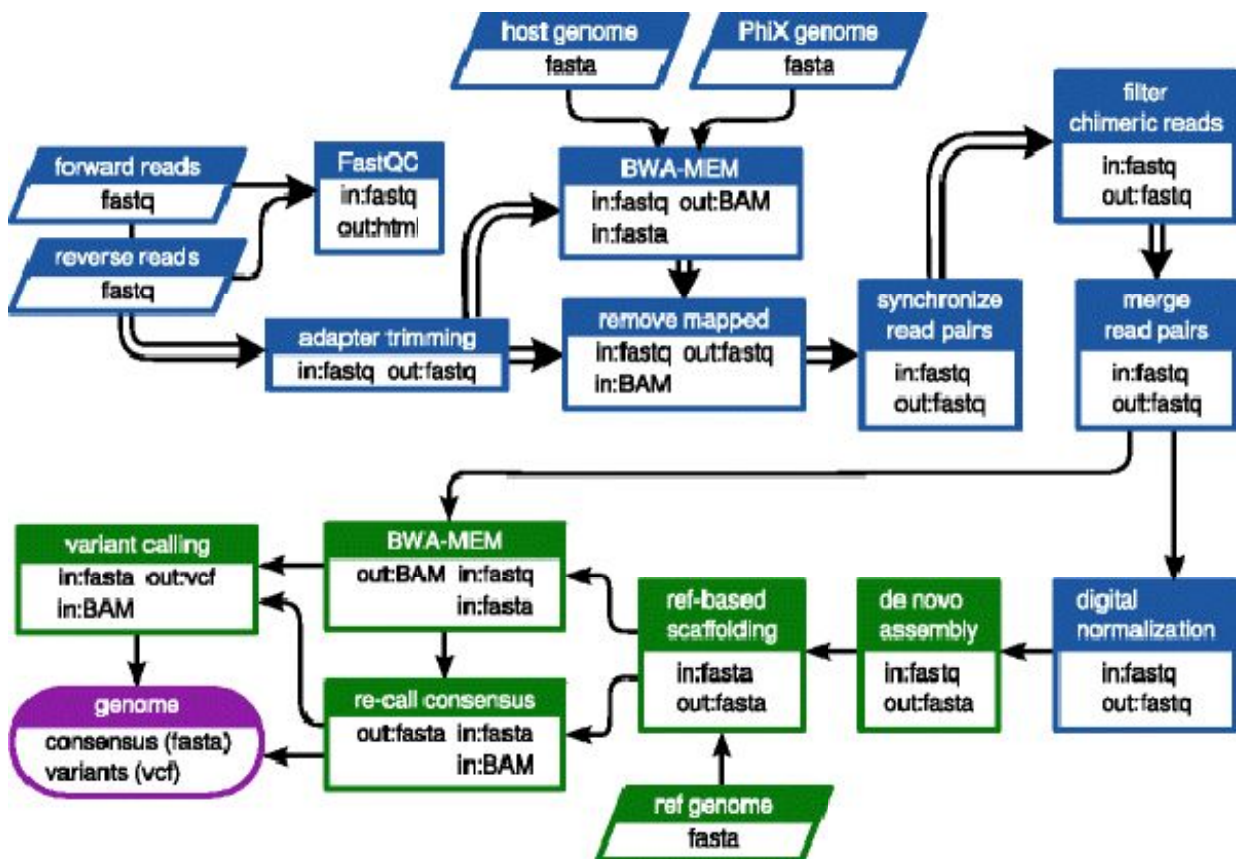
Streszczenie artykułu w języku angielskim oraz link do pracy znajdziecie Państwo na stronie:

<http://stke.sciencemag.org/content/10/471/eaaj1549>

Dobra i wydajna metoda sekwencjonowania i analizy genomów małych wirusów RNA

Sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) nie jest metodą często stosowaną w badaniach małych wirusów RNA. Jednym z powodów są wysokie koszty tego typu analiz.

Grupa naukowców z USA szczegółowo opisała skuteczną i wydajną metodę badania genomów małych wirusów RNA przy zastosowaniu techniki NGS. Celem pracy było poznanie sekwencji RNA różnych paramyksowirusów ptasich. Sekwencjonowanie wykonano przy użyciu aparatu MiSeq Illumina, analizę zaś prowadzono w oparciu o platformę Galaxy. Naukowcy opisali wykorzystany przez siebie protokół jako szybką, przyjazną użytkownikowi i niedrogą metodę analizy różnych genomów wirusowych.



Źródło: <https://virologyj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12985-017-0741-5>

Pełen tekst publikacji wraz ze szczegółowym opisem metody znajdziecie Państwo na stronie:

<https://virologyj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12985-017-0741-5>

INFORMACJE OD PARTNERÓW

TruSight® Tumor 170 dostępny w sprzedaży

Panel TruSight Tumor 170 - po wstępnych zapowiedziach producenta, TST170 jest już dostępny i można ten produkt zamawiać. Nowy panel umożliwia:

- generowanie wariantów DNA i RNA na podstawie danych z jednej próbki
- ocenę fuzji, wariantów splicingu, amplifikacji, polimorfizmu pojedynczych nukleotydów i małych insercji/delecji
- tworzenie gotowych do sekwencjonowania bibliotek z 40ng DNA i RNA ze skrawków parafinowych utrwalanych formaliną (FFPE)
- analityczną czułość i specyficzność na poziomie ponad 95% dla 5% częstości mutacji alleli

Publikacja dotycząca przeskakiwania indeksów i metod redukcji tego zjawiska

Index Hopping and Misalignment

i5 index hopping



i7 index hopping



1



2



Źródło: <https://tinyurl.com/indexHoppingAndMisalignment>

Współpraca koncernu Illumina z Kailos Genetics w badaniach farmakogenomicznych

Dzięki umowie o współpracy pomiędzy dwoma koncernami powstał panel TargetRich PGxComplete umożliwiający analizy NGS genów związanych z odpowiedzią na leczenie w takich dziedzinach terapeutycznych jak psychiatria, kardiologia, leczenie bólu i onkologia. Oprogramowanie Kailos Blue zapewnia automatyczną analizę danych przy użyciu BaseSpace® Sequence Hub.

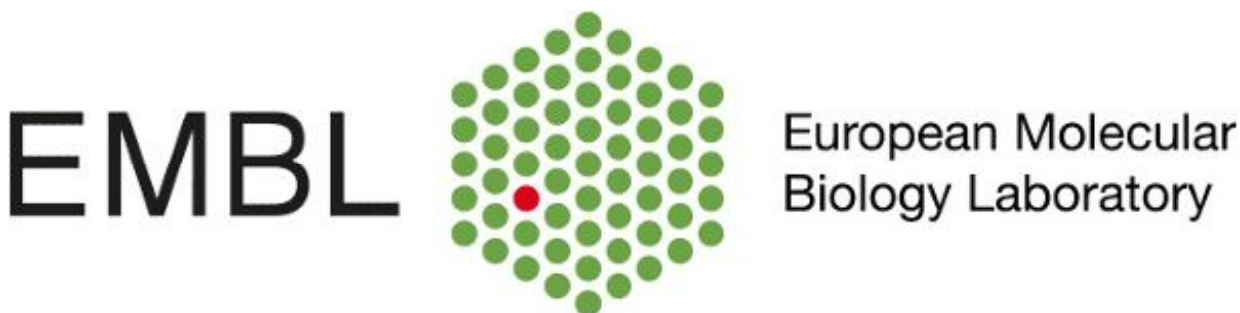
Walidacja system genomiki sądowej MiSeq FGx™ jest już dostępna

Długo oczekiwana walidacja systemu genomiki sądowej MiSeq FGx została opublikowana na łamach czasopisma Forensic Science International: Genetics. Artykuł pod tytułem "Developmental Validation of the MiSeq FGx Forensic Genomics System..." ocenia wydajność i użyteczność systemu w tworzeniu baz danych i przeprowadzaniu analiz sądowych zgodnie z aktualnymi wytycznymi dotyczącymi metod NGS Scientific Working Group on DNA Analysis Methods.

Pełną treść artykułu znajdziecie Państwo na stronie:

<https://tinyurl.com/Developmental-validation-of-th>

Firma Illumina we współpracy z Europejskim Laboratorium Biologii Molekularnej EMBL w Heidelbergu zaprasza na szkolenia na temat technik NGS



Od 2015 roku firma Illumina organizuje dla swoich klientów szkolenia z zakresu przygotowywania bibliotek dla naukowców z podstawową wiedzą na temat technik NGS lub dopiero zaczynających pracę metodami NGS.

Dwa razy w roku odbywają się kursy sekwencjonowania całogenomowego i sekwencjonowania RNA, a co kwartał kursy reseqwencjonowania.

Szkolenia są otwarte dla naukowców z całego świata, obejmują wykłady i ćwiczenia praktyczne, trwają od 3 do 5 dni.

Uczestnicy mogą przywieźć na szkolenie swoje własne próbki i wykorzystać otrzymane dane.

Maksymalna liczba uczestników kursu to 14 osób, szkolenie jest prowadzone przez 2 trenerów z firmy Illumina.

Rejestracja jest możliwa jedynie za pośrednictwem strony EMBL:

<http://www.embl.de/training/events/>

Opłata rejestracyjna obejmuje koszty kursu i wyżywienia.

W 2017 roku kursy odbędą się:

- Whole-Genome Sequencing: 29 listopada-01 grudnia
- Amplicon-Based Sequencing: 10-13 lipca; 13-16 listopada
- Enrichment-Based Sequencing: 03-07 lipca; 06-10 listopada
- RNA Sequencing: 04-07 grudnia

Nowa ścieżka aplikacyjna dla systemów NovaSeq

Firma Illumina prowadzi prace nad nowym workflow, indywidualnie zaprojektowanym do systemów NovaSeq. Nowe, opcjonalne podejście do sekwencjonowania, umożliwi podzielenie naczynia reakcyjnego jakim jest flowcell na niezależne linie i sekwencjonowanie w ich obrębie zupełnie niezależnych bibliotek, pochodzących z różnych szlaków aplikacyjnych. Rozwiązanie to będzie wymagało zastosowania dodatkowego urządzenia i będzie dostępne w czwartym kwartale 2017 roku.

NovaSeq S1, S2, S3 i S4 pozwoli użytkownikom:

- przeprowadzić sekwencjonowanie różnymi metodami niezależnie w różnych liniach np. eksomowe w pierwszej linii i RNA w drugiej,
- rozdzielić różne projekty na poszczególne linie,
- zwiększyć liczbę multipleksowanych próbek w ścieżce i w całym naczyniu reakcyjnym,
- zmniejszyć wymagania dotyczące wejściowego DNA

Więcej informacji na temat pracy znajdą Państwo na stronie:

<https://tinyurl.com/Individual-Lane-Loading-in>

Z OFERTY FIRMY WYCOFYWANE ZOSTAJĄ NASTĘPUJĄCE PRODUKTY:

- **NeoPrep® Library Prep System.** Systemy można zamawiać do 31 października 2017 roku, z datą wysyłki przypadającą przed 31 stycznia 2018. Inne rozwiązania związane z przygotowaniem bibliotek proponowane przez firmę Illumina znajdziecie Państwo na stronie [library automation page](#).
 - **Z dniem 30 czerwca 2017 z oferty firmy wycofany zostanie NextSeq 500 System.** Wszystkie zestawy odczytników oraz pełne wsparcie platformy nadal będą dostępne (pełna kompatybilność z systemem NextSeq 550 oraz materiałami zużywalnymi). **Do 30 czerwca 2017 NextSeq 500 System dostępny jest w promocyjnej cenie.** Szczegółowe informacje uzyskają Państwo kontaktując się z przedstawicielami handlowymi.
-
-



Zapraszamy w imieniu firmy Fluidigm na webinar: Wykrywanie patologicznych limfocytów T w reumatoidalnym zapaleniu stawów metodą cytometrii masowej

Webinar odbędzie się 20 czerwca, wtorek o godzinie 19:00, a poprowadzi go dr Deepak Rao, dyrektor Centrum Immunologii Człowieka w Brigham and Women's Hospital w Bostonie.

Podczas webinaru dr Rao przedstawi swoją ostatnią pracę opublikowaną w Nature, dotyczącą użycia

cytometrii mas i wielowymiarowej cytometrii przepływowej do identyfikacji kluczowych populacji patologicznych limfocytów T w mazi stawowej pacjentów chorych na reumatoidalne zapalenie stawów.

Podczas prezentacji dowiedzie się Państwo:

- Jakie markery mogą być stosowane do identyfikacji aktywowanych limfocytów T CD4+
- Jak można stosować różne metody takie jak cytometria mas, transkryptomika i inne w definiowaniu populacji komórek układu odpornościowego
- Jak niektóre populacje limfocytów T mogą promować odpowiedź limfocytów B w tkankach w przebiegu procesu zapalnego

Rejestracja przez stronę:

[registration page](#)

NADCHODZĄCE WYDARZENIA

40th European Cystic Fibrosis Society Conference

7-10 czerwca, Sevilla

<https://www.ecfs.eu/seville2017>

XVI Zjazd Polskiego Towarzystwa Immunologii Doświadczalnej i Klinicznej

8-10 czerwca, Warszawa

<https://www.institutpwn.pl/konferencja/ptidik2017/>

ASCO Annual Meeting

2-6 czerwca, Chicago

<http://am.asco.org/>

22nd Congress of European Hematology Association

22-25 czerwca, Madryt

<https://www.ehaweb.org/congress-and-events/22nd-congress/key-information/>

EUROBIOTECH 6th Central European Congress of Life Science

11-14 września, Kraków

<http://eurobiotech.krakow.pl/gb/>



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

Kliknij, aby się wypisać