

APRENENT A LLEGIR EL DNA DE SANGER A LA NGS

SEMINARIS TECNOLÒGICS

IRENE CORRALES INSA

12 NOVEMBRE 2019

**amb una vegada
no n'hi ha prou
vine a donar sang**



**EDIFICI DR. FREDERIC DURAN I JORDÀ
Passeig Taulat, 106 - 116
08005 Barcelona**

#SANG FLUENCER



ets el meu tipus?

		DONANT							
		O-	O+	A-	A+	B-	B+	AB-	AB+
RECEPTOR	O-	●							
	O+	●	●						
	A-	●		●					
	A+	●	●	●	●				
	B-	●				●			
	B+	●	●			●	●		
	AB-	●	●	●	●			●	
	AB+	●	●	●	●	●	●	●	●



Banc de Sang

La donació de sang és un acte solidari i de participació ciutadana. Per al donant només és un moment, per a molts malalts pot suposar la vida. Pot donar sang qualsevol persona sana entre 18 i 70 anys que pesi més de 50 quilos.



Banc de Cordó

La sang del cordó umbilical conté cèl·lules mares capaces de generar cèl·lules sanguínies. Per tant, pot ser utilitzada per a curar la leucèmia i altres tipus de càncer. Donar cordó és donar un somni.



Banc de Llet Materna

Gràcies a la generositat de mares donants, el Banc de Llet pot garantir l'alimentació amb llet materna de tots els prematurs greus de Catalunya que, per causes majors i sota prescripció mèdica, no poden ser alletats per la pròpia mare.



Banc de Teixits

Hi ha milers de persones que per continuar vivint o millorar la seva qualitat de vida necessiten un trasplantament. El Banc obté, processa, conserva i distribueix teixits de donants vius i donants cadàver garantint la màxima qualitat i seguretat pels pacients.

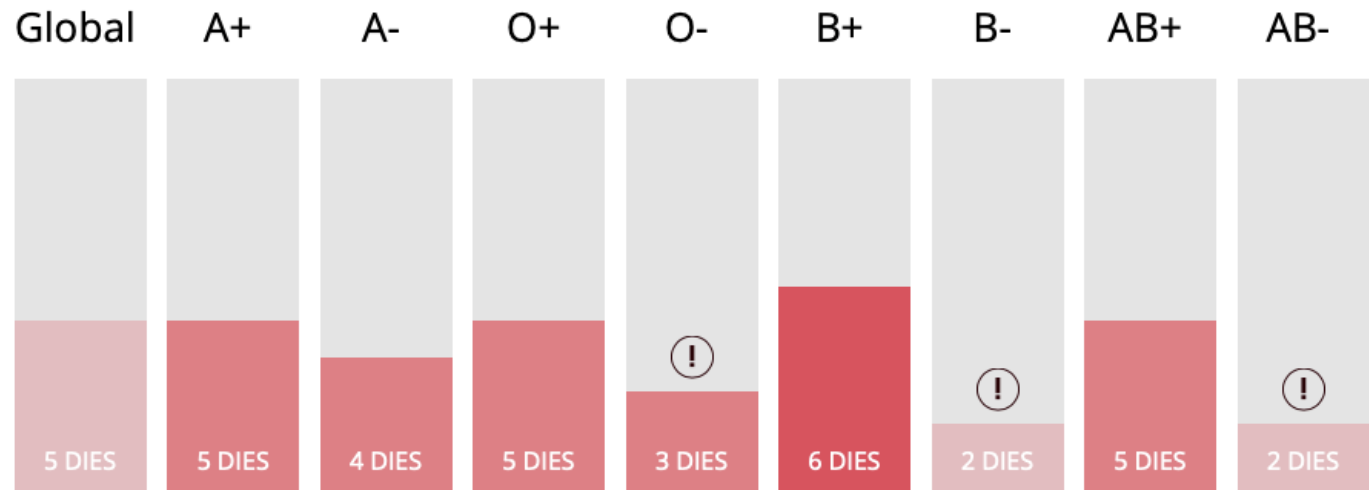


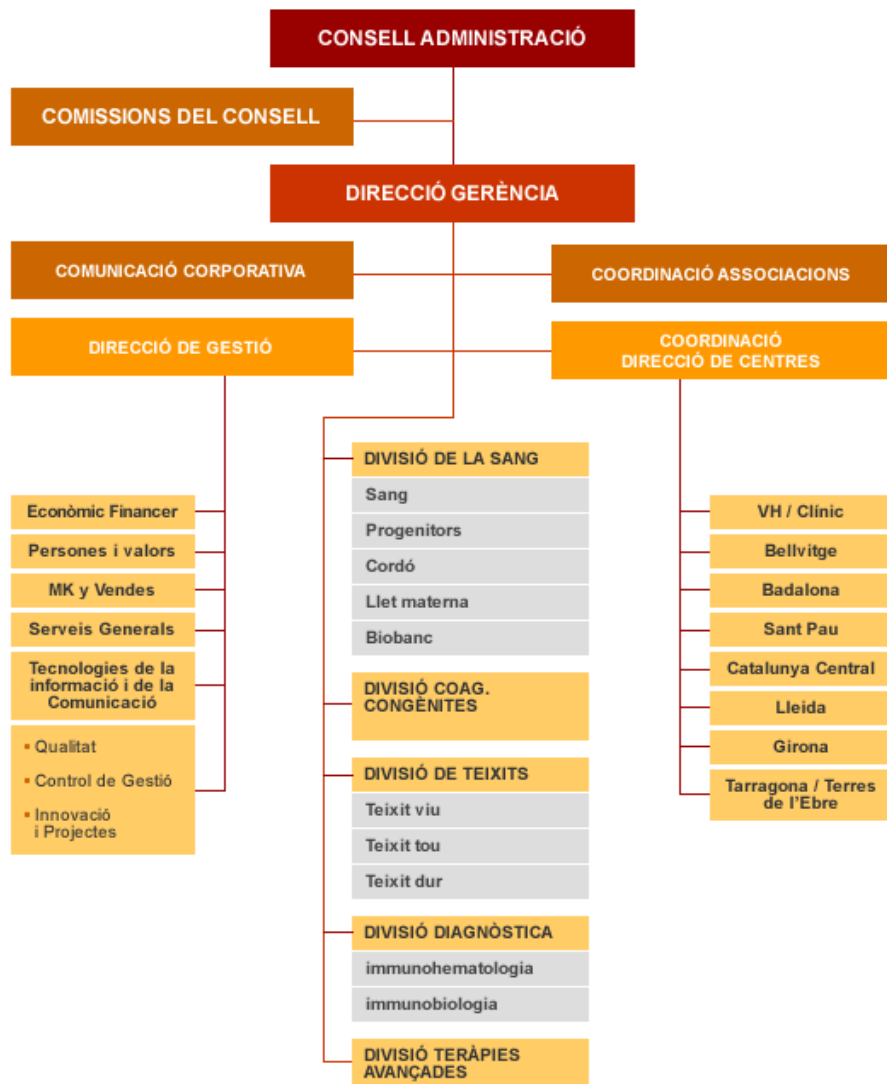
Donació de medul·la òssia

Si tens entre 18 i 40 anys, regala una esperança de vida als malalts de leucèmia fent-te donant de medul·la òssia.

ESTAT DE LES RESERVES

Per quants dies tenim sang a dissabte, **9 de novembre** de 2019





Recerca

Participem en projectes de recerca propis o en col·laboració amb tots els centres de l'Institut Català de la Salut, amb gran part dels de la Xarxa Hospitalària d'Utilitat Pública, amb les Universitats Catalanes i promovem aliances estratègiques amb centres investigadors d'arreu del món.

Hem elaborat un nou Pla Estratègic d'R+D+i 2017-2020. Descarregueu-lo [aquí \(PDF\)](#).

Actualment, estem duent a terme 67 projectes de recerca i innovació al BST. A la nostra organització, 70 persones dediquen part del seu temps a la recerca.

El BST lidera 4 projectes RETOS en els quals col·labora amb IGTP, CMRB, Institut Josep Carreras, Hospital de la Fe y Centro de Transfusiones de la Comunidad Valenciana, amb un pressupost total de gairebé 2.000.000 €



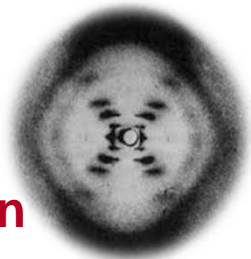
1953 - Descobriment de la doble hèlix del DNA



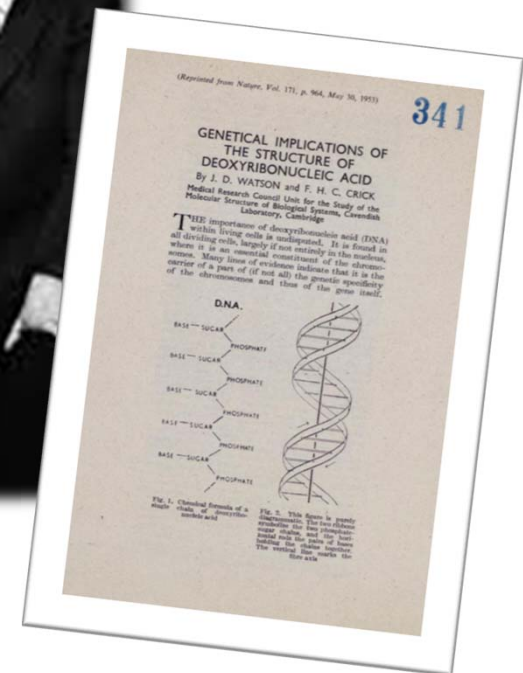
1950- Rosalind Franklin



Maurice Wilkins



James Watson i Francis Crick



1966 – Descubrimient del codi genètic



Marshall Nirenberg



Severo Ochoa



		Second base position							
		U		C		A			G
U	UUU	P	UCU	S	UAU	Y	UGU	C	U
	UUC		UCC		UAC		UGC		C
	UUA	L	UCA		UAA	Stop	UGA	Stop	A
	UUG		UCG		UAG		UGG	W	G
C	CUU	L	CCU	P	CAU	H	CGU	R	U
	CUC		CCC		CAC		CGC		C
	CUA		CCA		CAA	CGA	Q		A
	CUG		CCG		CAG	CGG			
A	AUU	I	ACU	T	AAU	N	AGU	R	U
	AUC		ACC		AAC		AGC		S
	AUA	ACA	AAA		AGA	K	A		
	AUG	ACG	AAG		AGG				G
G	GUU	V	GCU	A	GAU	D	GGU	G	U
	GUC		GCC		GAC		GGC		C
	GUA		GCA		GAA	GGA	E		A
	GUG		GCG		GAG	GGG			

¹The one letter symbol of amino acids.

1975 – Descripció de la primera tècnica de Seqüenciació del DNA



Proc. Natl. Acad. Sci. USA
Vol. 74, No. 12, pp. 5463-5467, December 1977
Biochemistry

DNA sequencing with chain-terminating inhibitors

(DNA polymerase/nucleotide sequences/bacteriophage ϕ X174)

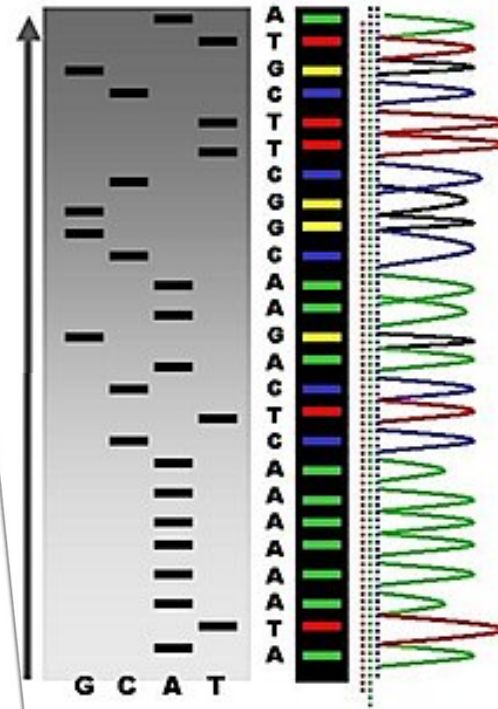
F. SANGER, S. NICKLEN, AND A. R. COULSON

Medical Research Council Laboratory of Molecular Biology, Cambridge CB2 1QH, England

Contributed by F. Sanger, October 3, 1977

ABSTRACT A new method for determining nucleotide sequences in DNA is described. It is similar to the "plus and minus" method [Sanger, F. & Coulson, A. R. (1975) *J. Mol. Biol.* 94, 441-448] but makes use of the 2',3'-dideoxy and arabinonucleoside analogues of the normal deoxynucleoside triphosphates, which act as specific chain-terminating inhibitors of DNA polymerase. The technique has been applied to the DNA of bacteriophage ϕ X174 and is more rapid and more accurate than either the plus or the minus method.

a stereoisomer of ribose in which the 3'-hydroxyl group is oriented in *trans* position with respect to the 2'-hydroxyl group. The arabinosyl (ara) nucleotides act as chain terminating inhibitors of *Escherichia coli* DNA polymerase I in a manner comparable to ddT (4), although synthesized chains ending in 3' araC can be further extended by some mammalian DNA polymerases (5). In order to obtain a suitable pattern of bands from which an extensive sequence can be read it is necessary

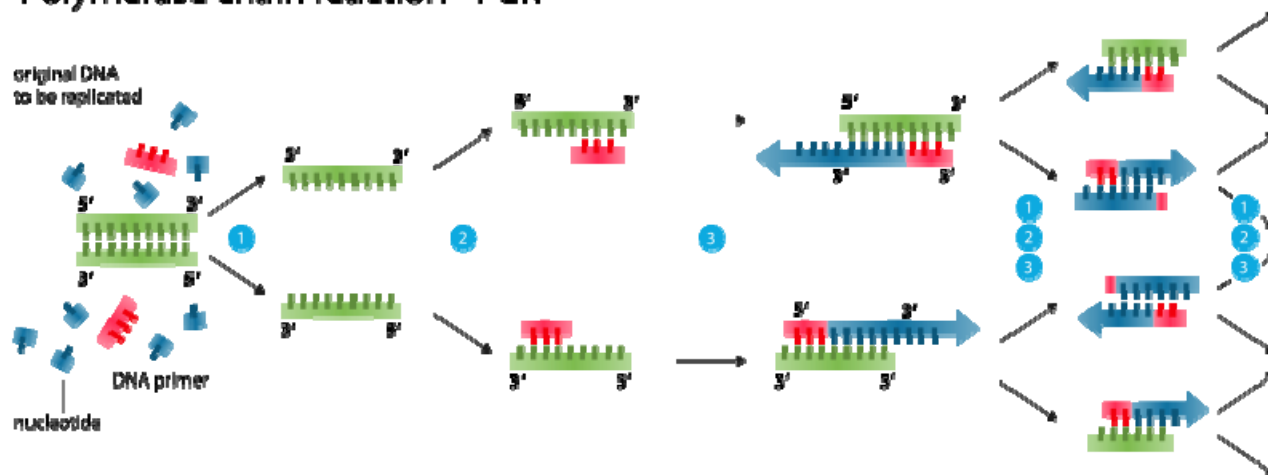


Fred Sanger

1985 – Descobriment de la PCR



Polymerase chain reaction - PCR



- 1 Denaturation at 94-96°C
- 2 Annealing at ~68°C
- 3 Elongation at t.a. 72°C

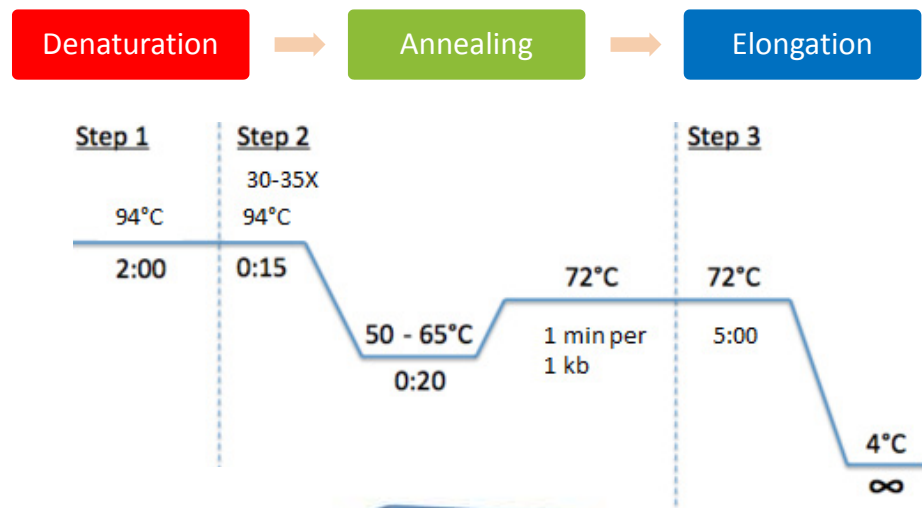


Thermus aquaticus



Kary Mullis

1985 – Descobriment de la PCR



1990 – 2003 Projecte Genoma Humà (HGP)



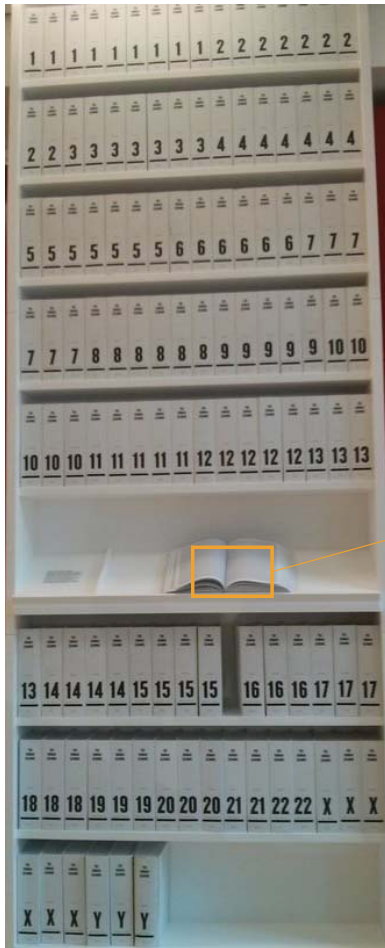
Craig Venter i Francis Collins, els caps científics de Celera i del Consorci internacional el 26 de juny del 2000, en una roda de premsa des de la Casa Blanca

1990–2003 Projecte Genoma Humà (HGP)

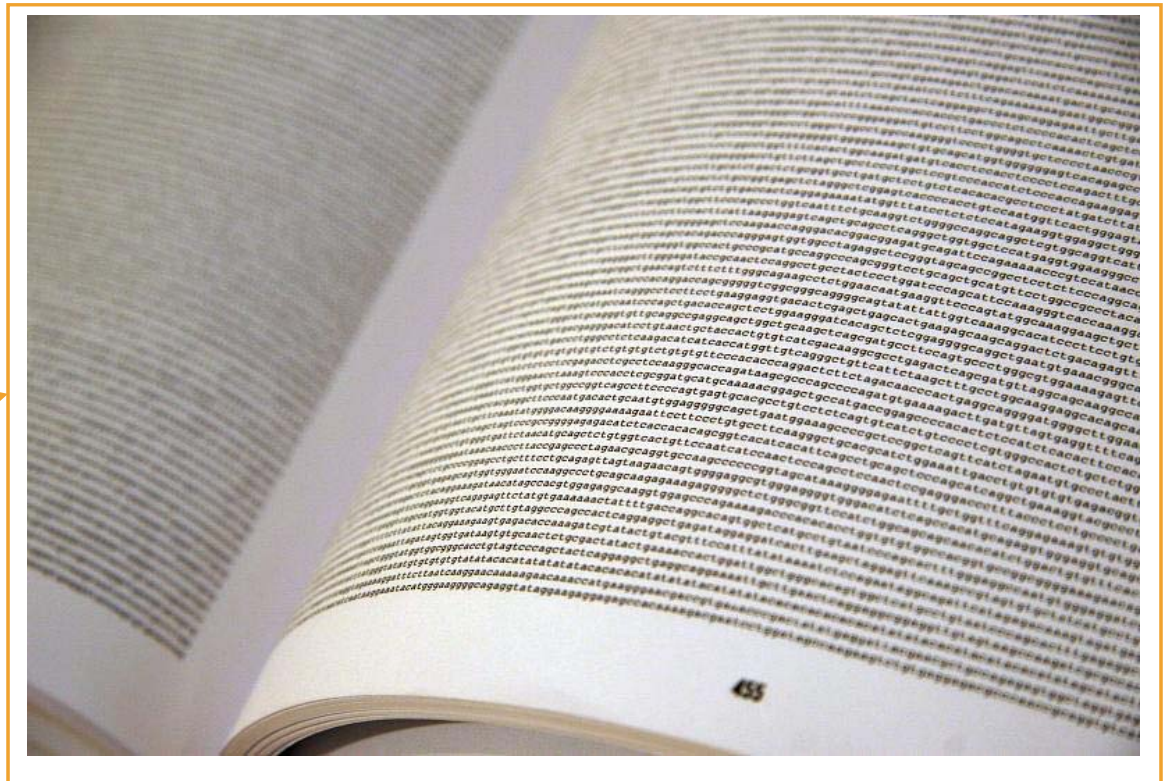


Els resultats del Consorci Internacional es van publicar en el número 409 de la revista [Nature](#), el 15 de febrer del 2001. Els de Celera en el número 291 de [Science](#), el 16 de febrer.

1990 – 2003 Projecte Genoma Humà (HGP)



3 billion letters, 175 volumes at Times New Roman 8pt



Next Generation Sequencing (NGS)



2005
Roche 454 pyrosequencing



2006
Solexa system



2007
SOLiD System

Next Generation Sequencing (NGS)



nature | Vol 452:17 April 2008 | doi:10.1038/nature06884

LETTERS

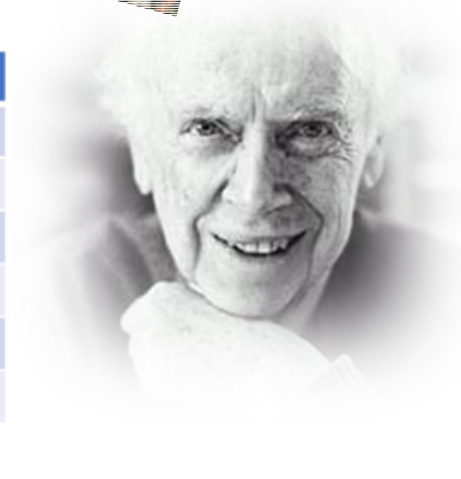
The complete genome of an individual by massively parallel DNA sequencing

David A. Wheeler^{1*}, Maithreyan Srinivasan^{2*}, Michael Egholm^{3*}, Yufeng Shen^{4*}, Lei Chen¹, Amy McGuire⁵, Wen He⁶, Yi-Ju Chen⁷, Vinod Makhijani⁸, G. Thomas Roth⁹, Xavier Gomes¹⁰, Karrie Tartaro¹¹, Faheem Niazi¹², Cynthia L. Turcotte¹³, Gerard P. Irzyk¹⁴, James R. Lupski^{15,16}, Craig Chiu^{17,18}, Xing-zhi Song¹⁹, Yue Liu¹, Ye Yuan¹, Lynne Nazareth¹, Xiang Qin¹, Donna M. Muzny¹, Marcel Margulies², George M. Weinstock^{1,4}, Richard A. Gibbs^{1,4} & Jonathan M. Rothberg^{2†}

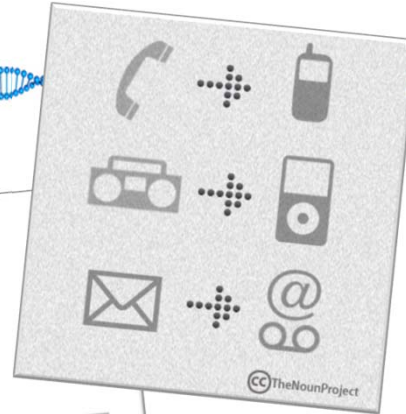
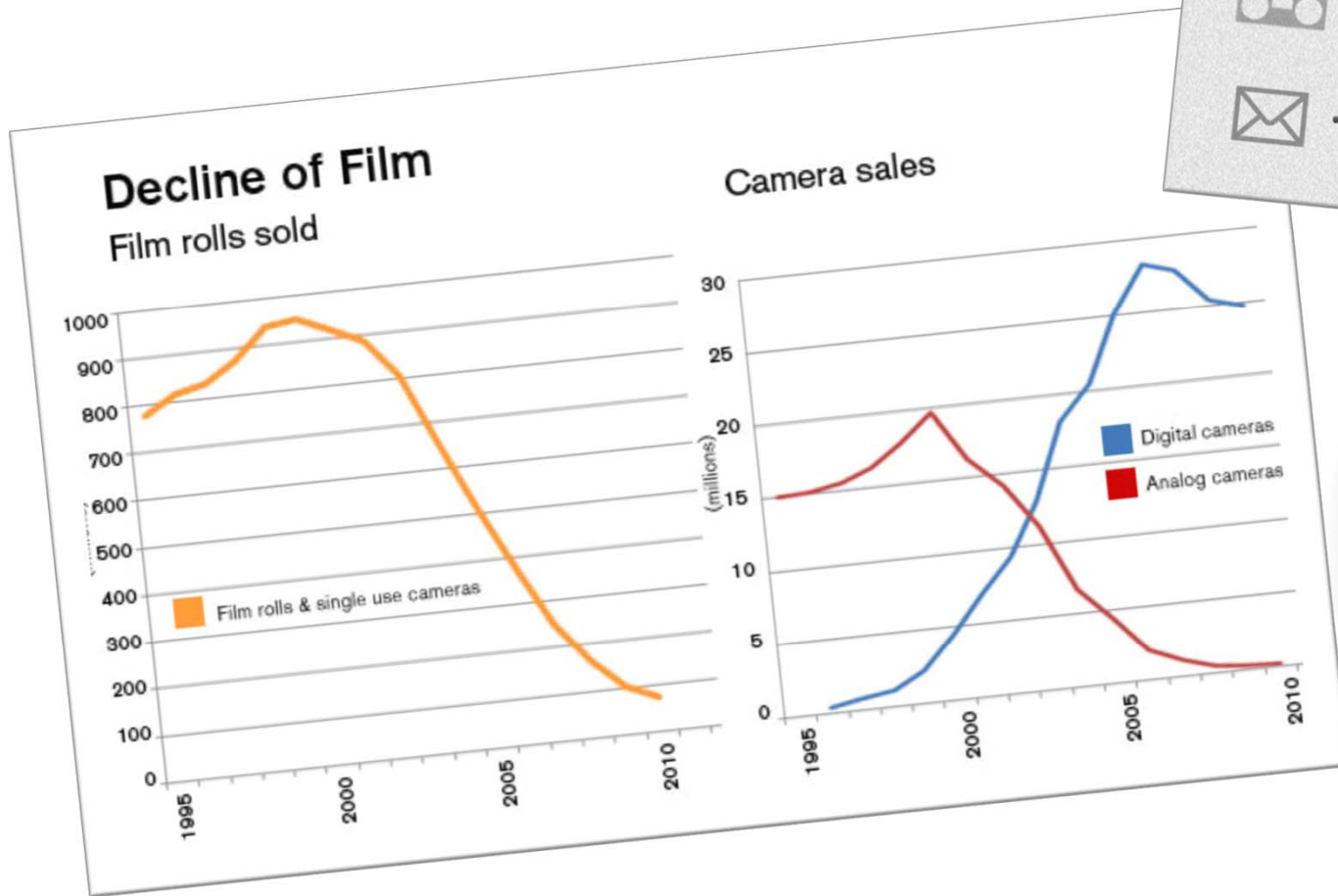


QUICKER, SMALLER, CHEAPER

Genoma secuenciado	PGH (2003)	NGS (2008)
Tiempo invertido	13 años	4,5 meses
Coste de secuenciación	\$2.700 millones	<\$1,5 millones
Cobertura	8-10 x	7,4 x
Número de científicos en la lista de autores	>2.800	27
Número de instituciones implicadas	16	2
Número de países implicados	6	1



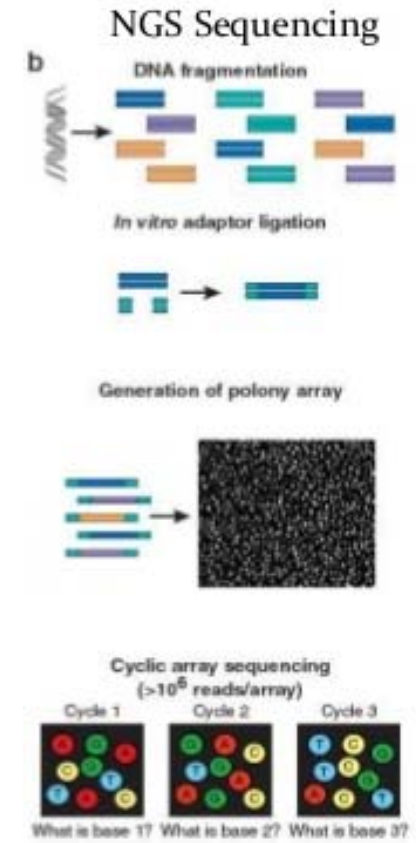
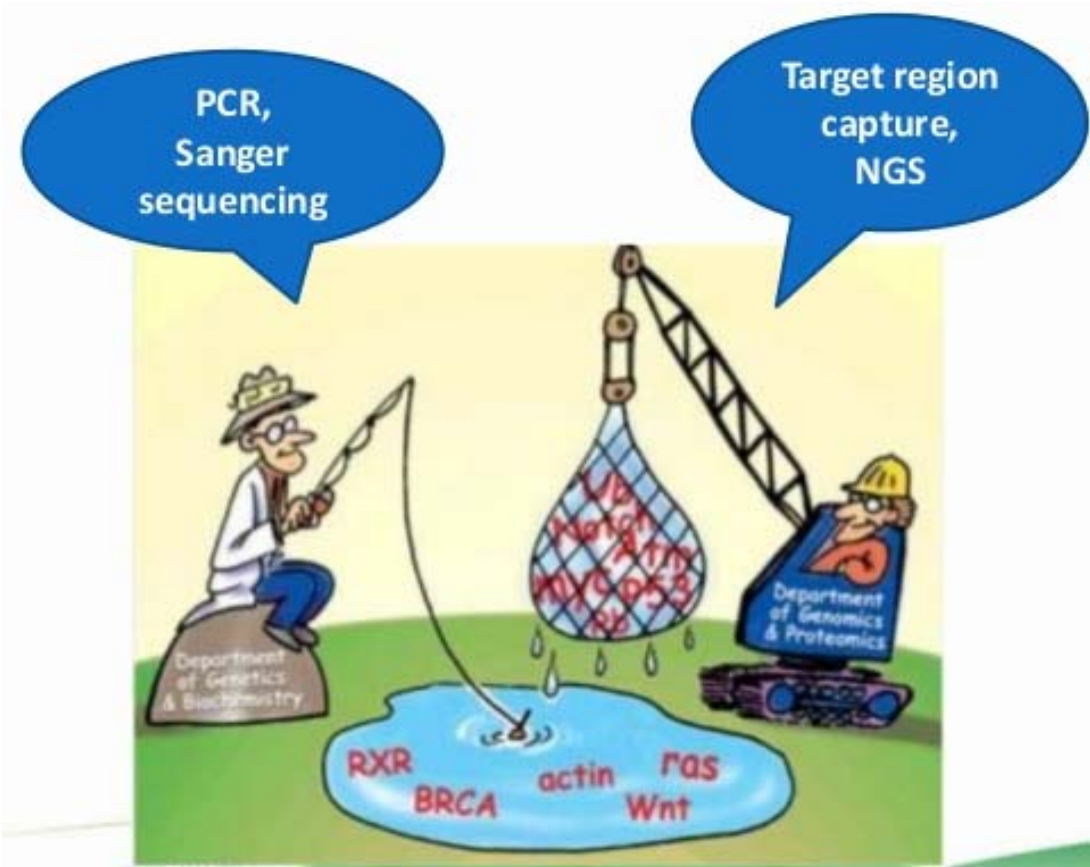
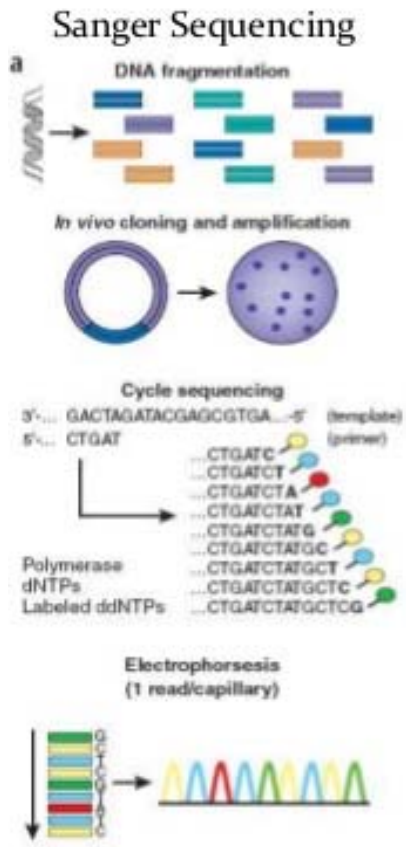
Tecnologies disruptives



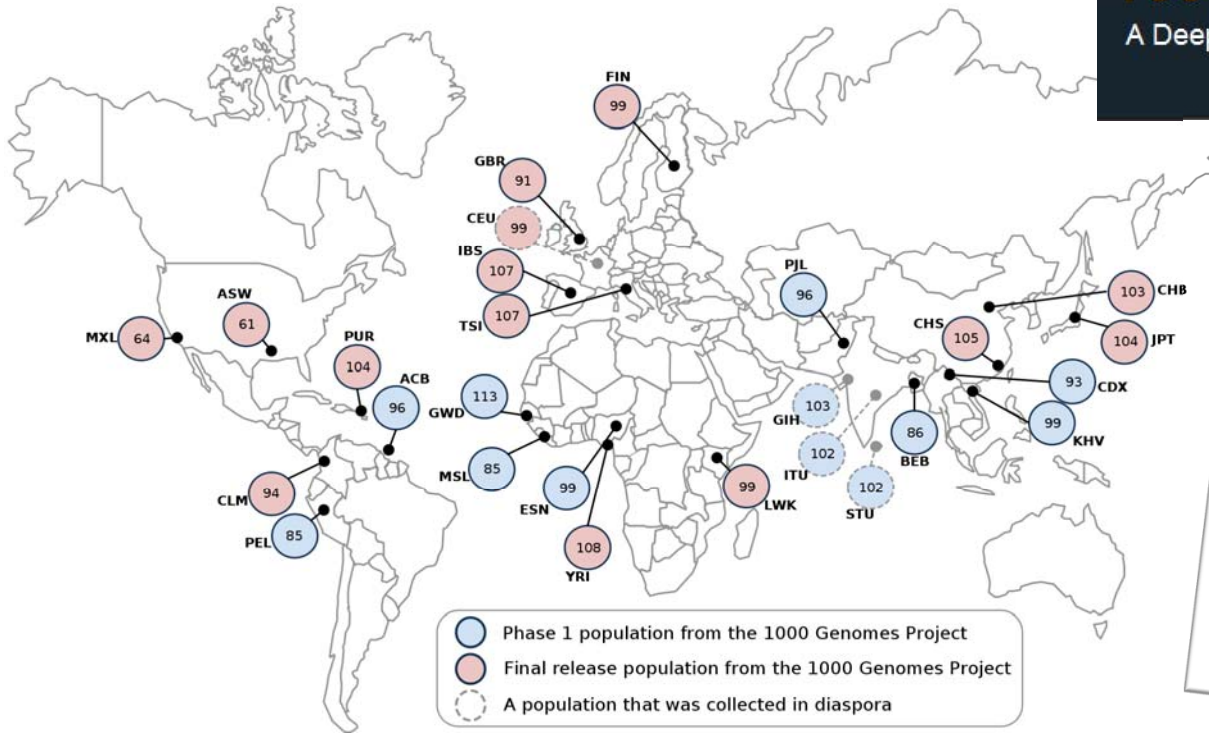
Next Generation Sequencing (NGS)



<https://www.youtube.com/watch?v=fCd6B5HRaZ8>



2008 – 2010 Projecte 1000 Genomes

ARTICLE

A map of human genome variation from population-scale sequencing

The 1000 Genomes Project Consortium*

doi:10.1038/nature09534

The 1000 Genomes Project aims to provide a deep characterization of human genome sequence variation as a foundation for investigating the relationship between genotype and phenotype. Here we present results of the pilot phase of the project, designed to develop and compare different strategies for genome-wide sequencing with high-throughput platforms. We undertook three projects: low-coverage whole-genome sequencing of 179 individuals from four populations; high-coverage sequencing of two mother-father-child trios; and exon-targeted sequencing of 697 individuals from seven populations. We describe the location, allele frequency and local haplotype structure of approximately 15 million single nucleotide polymorphisms, 1 million short insertions and deletions, and 20,000 structural variants, most of which were previously undescribed. We show that, because we have catalogued the vast majority of common variation, over 95% of the currently accessible variants found in any individual are present in this data set. On average, each person is found to carry approximately 250 to 300 loss-of-function variants in annotated genes and 50 to 100 variants previously implicated in inherited disorders. We demonstrate how these results can be used to inform association and functional studies. From the two trios, we directly estimate the rate of *de novo* germline base substitution mutations to be approximately 10^{-7} per base pair per generation. We explore the data with regard to signatures of natural selection, and identify a marked reduction of genetic variation in the neighbourhood of genes, due to selection at linked sites. These methods and public data will support the next phase of human genetic research.

Evolució tecnològica



2010
Illumina HiSeq 2000
Oxford Nanopore

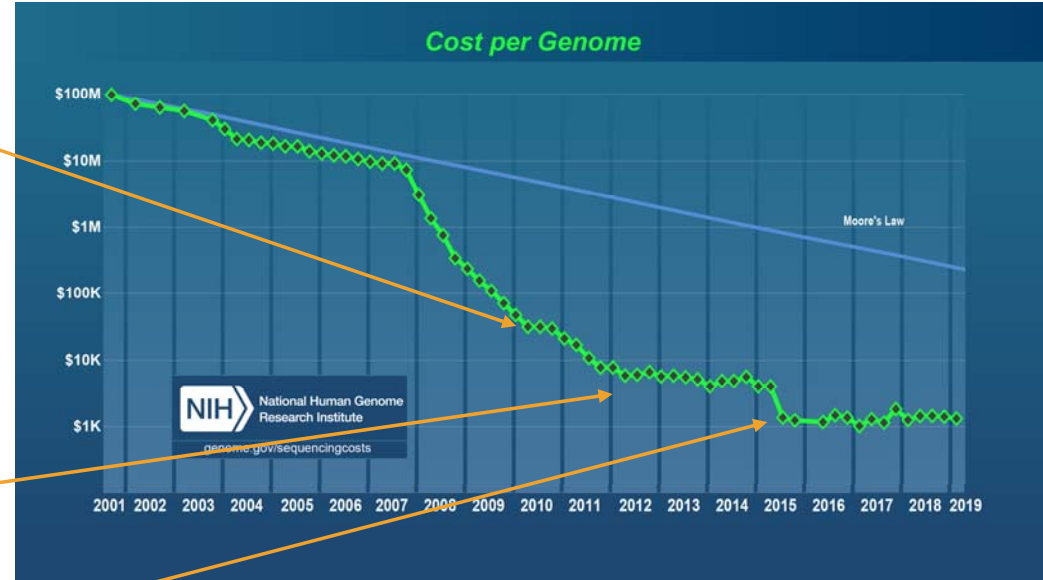


2011
Ion Torrent
Illumina MiSeq



2012
Ion Proton
Illumina NextSeq

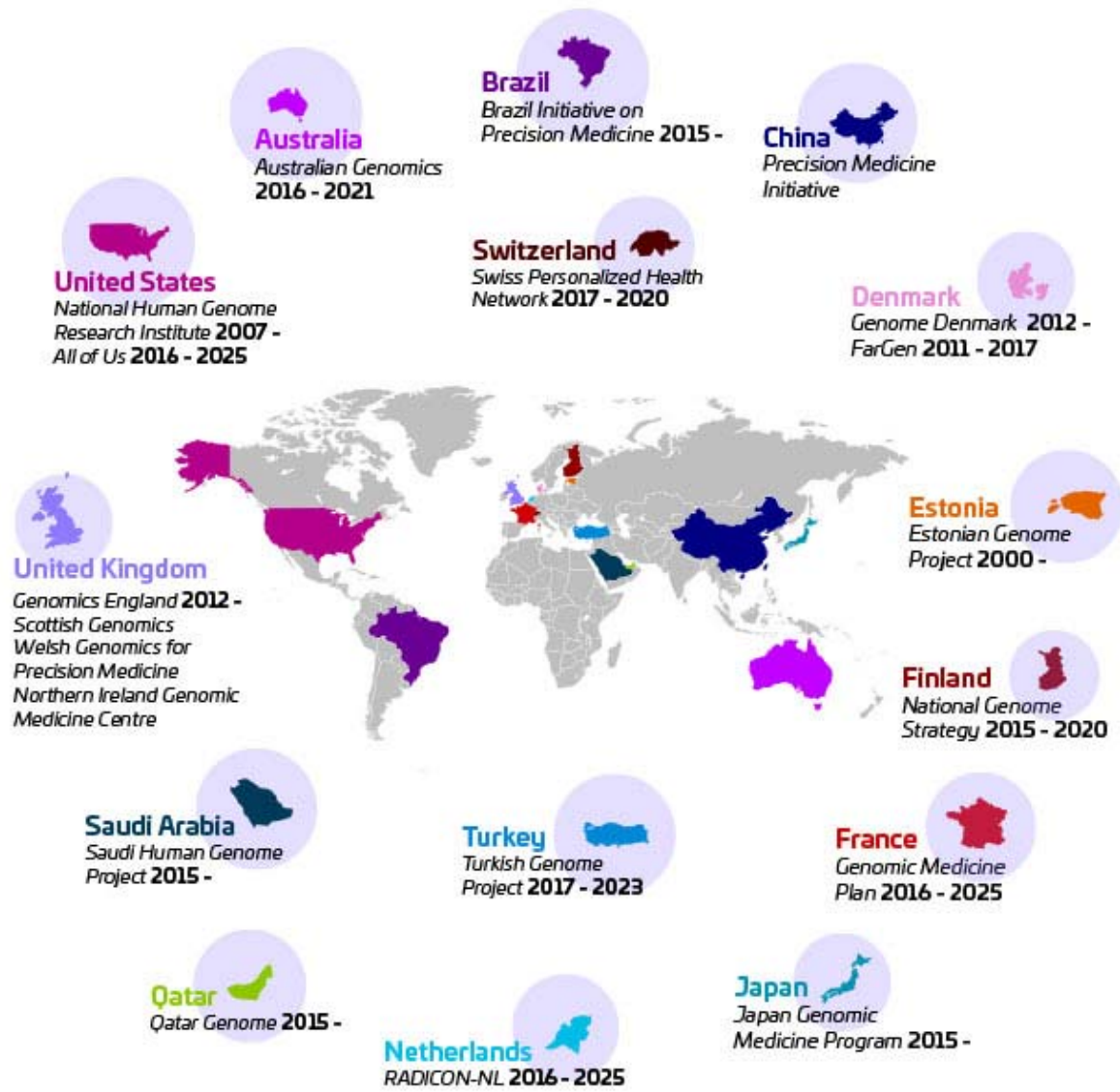
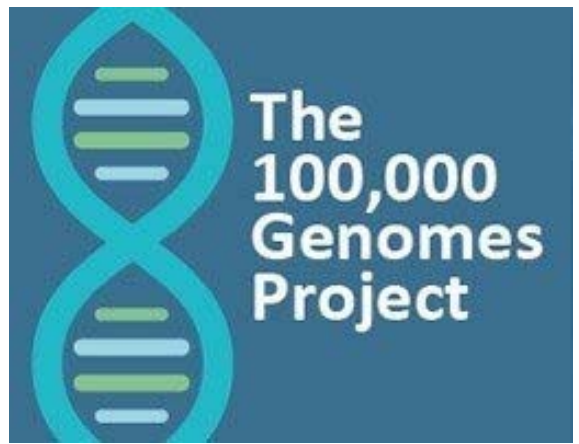
2014
Illumina HiSeq X
Ten



Es trenca la barrera dels \$1K/genoma



Programes de seqüenciació de genomes



Programes de seqüenciació de genomes



2016–2025 New Precision Medicine Initiative (\$215 million) aims to catalog the DNA of at least 1 million Americans in order to ‘bring us closer to curing diseases like cancer and diabetes.’

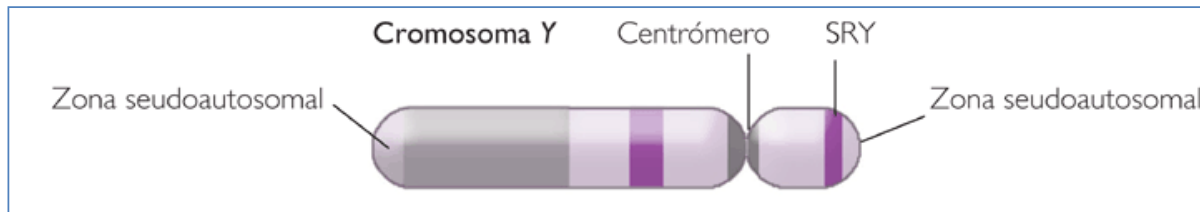
Declaration for delivering cross-border access to genomic database

- 1 million **genomes accessible** in the EU by 2022
- Linking access** to existing and future genomic database across the EU
- Providing a sufficient scale for **new clinically impactful** associations in research

2018-2022 EU countries will cooperate in linking genomic databases across borders

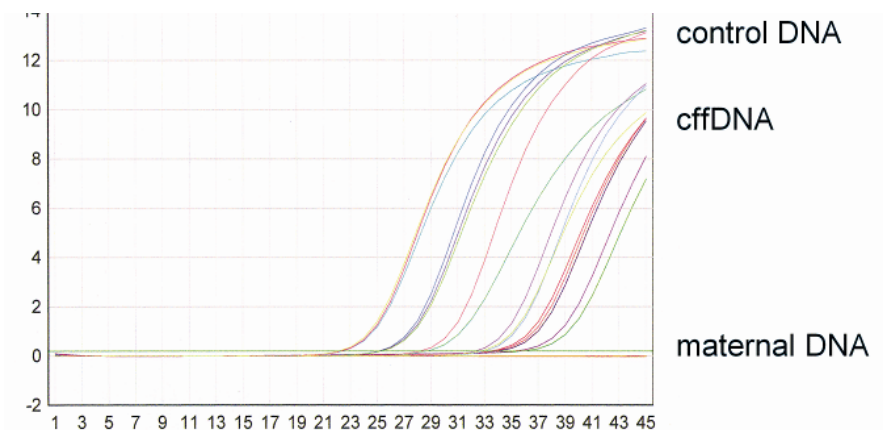
Diagnòstic prenatal no invasiu (NIPD)

Descobriment de la presència de DNA fetal lliure en plasma a les dones embarassades (Lo et al., 1997)



Real Time PCR

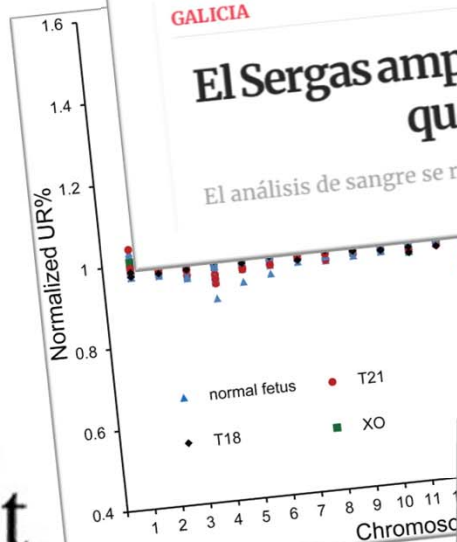
- **SRY gene** (sex determining region Y)
- Single copy gene
- **DYS14 sequences** (testis-specific protein, Y-linked)
- Multiple copies



Diagnòstic prenatal no invasiu (NIPD)

Determinació d'aneuploidies fetals en plasma matern

NIPT
Non invasive
Prenatal Test



600 €

El hospital público Ramón y Cajal empieza a hacer el test prenatal de Síndrome de Down por sangre

GALICIA
El Sergas amplía a todos los hospitales la prueba que evita la amniocentesis

LA VANGUARDIA | Barcelona

Al Minuto Internacional Política Opinión Vida Deportes Economía Local Gente Cultura Sucesos Temas

AVANCE "Ciudadanos esgrime la moción de censura contra el PSC", en la portada de este martes

Seguridad es que no importe cómo será el camino.
SEAT CONTIGO ¿Qué necesitas hoy?

Ver más

Las embarazadas de riesgo accederán al test de ADN fetal en sangre materna por la vía pública

EMBARAZOS >

La alternativa a la amniocentesis existe, pero no para todos los bolsillos

Algunas comunidades autónomas están incorporando a sus programas de detección de cromosopatías test no invasivos, pero la cifra de beneficiarias es todavía anecdótica

Diagnòstic prenatal no invasiu (NIPD)

Determinació de la presència de mutació en el fetus a partir de plasma matern



TGCCGGTGTACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
GTACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGG
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGTT
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGAA
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
ACTCCTGAGGTGGTGGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
GGCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCC
GCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACA
GCTGCCTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACA
TGCTTACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
ACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
ACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
ACCGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
GGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
AAAAAGGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
GGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCC
GGGGCAAGAAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC
GGCAAGGAGAGGAGCGAGGCCCGCCCCACATC





BANC DE SANG PLATAFORMA GÈNÈTICA

Seqüenciadors disponibles



Applied Biosystems 3130 XL
Genetic Analyzer



MiSeq (2)

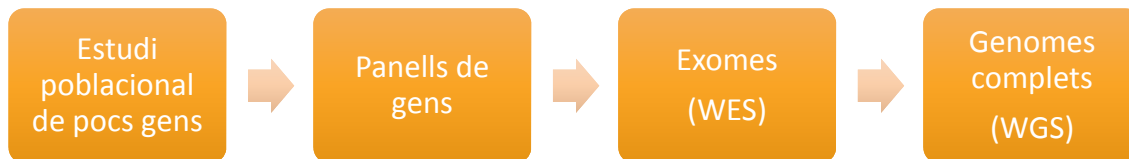
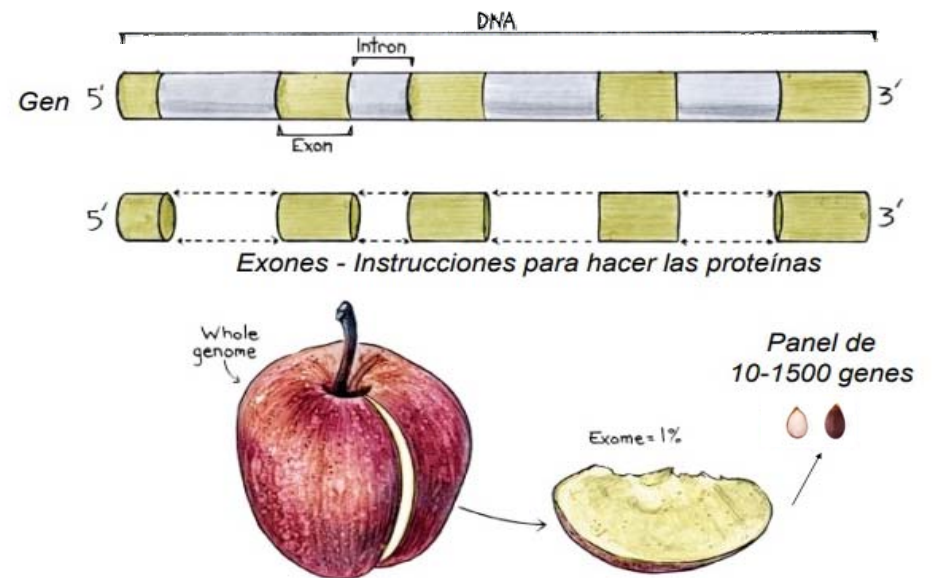
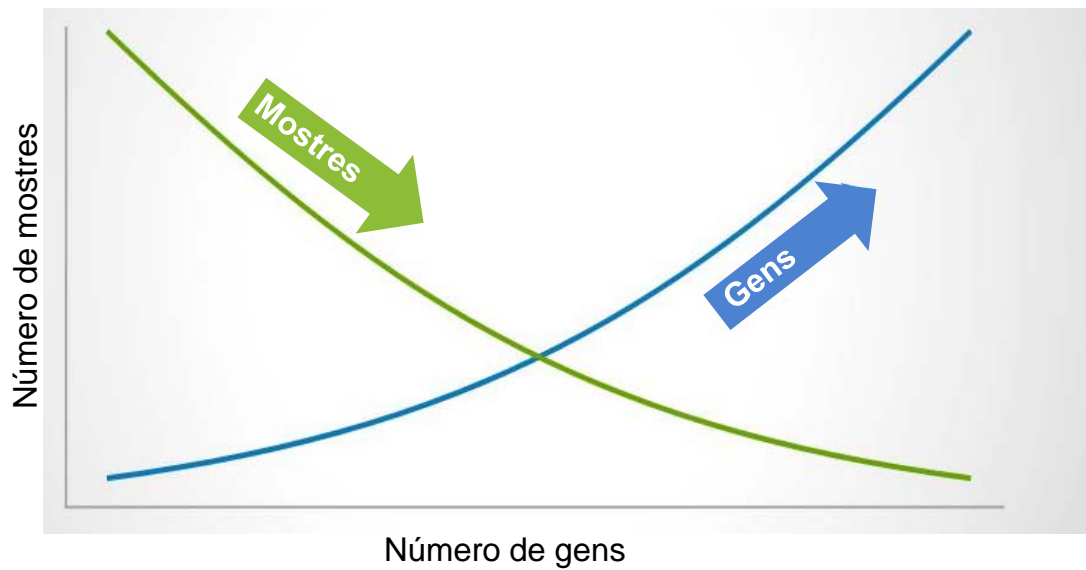
MAX OUTPUT
15 Gb
MAX READ NUMBER
25 million
MAX READ LENGTH
2x300 bp



NextSeq 500

MAX OUTPUT
120 Gb
MAX READ NUMBER
400 million
MAX READ LENGTH
2x150 bp

Estrategies d'abordatge amb NGS



Estudi poblacional de pocs gens



Blood Coagulation

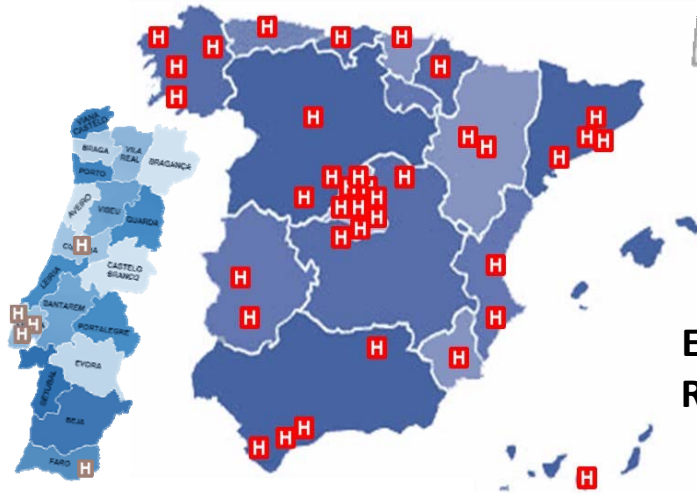
Articles and Brief Reports

High-throughput molecular diagnosis of von Willebrand disease by next generation sequencing methods

Irene Corrales,¹ Susana Catarino,² Júlia Ayats,³ David Arteta,² Carmen Altisent,⁴ Rafael Parra,^{1,3} and Francisco Vidal¹

¹Unitat de Diagnòstic i Teràpia Molecular, Banc de Sang i Teixits, Barcelona; ²Progenika Biopharma SA, Derio, Vizcaya; and ³Unitat d'Hemofília, Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona, Spain

Cohort Portuguesa



92 patients

557 patients

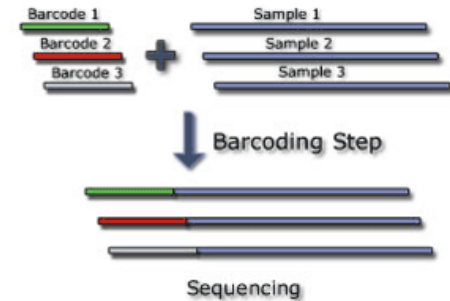
Perfil clínico y molecular de la Enfermedad de von Willebrand. Registro español (PCM-EVW-ES)

38 Centres

557 Patients

330 Famílies

Estudi poblacional de pocs gens

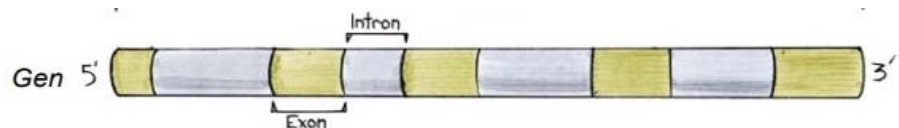


Ventajas del procedimiento diseñado:

- Minimización del uso de fungibles y reactivos
- La construcción de librerías es sencilla y rápida gracias a una PCR de fusión que permite que la amplificación del *VWF* y la adición simultánea de los indicios y adaptadores
- Reducción de tiempos y costes

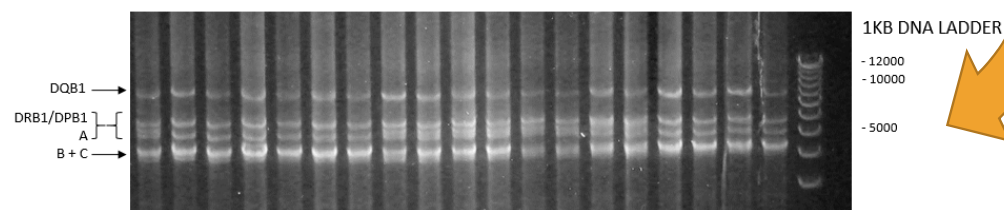
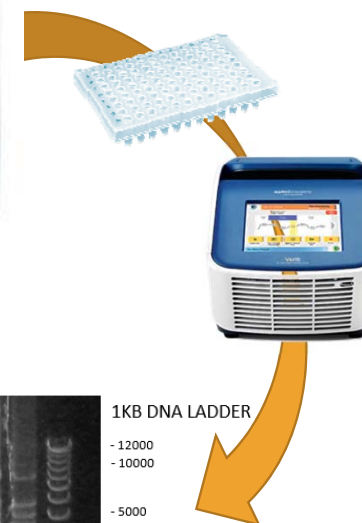
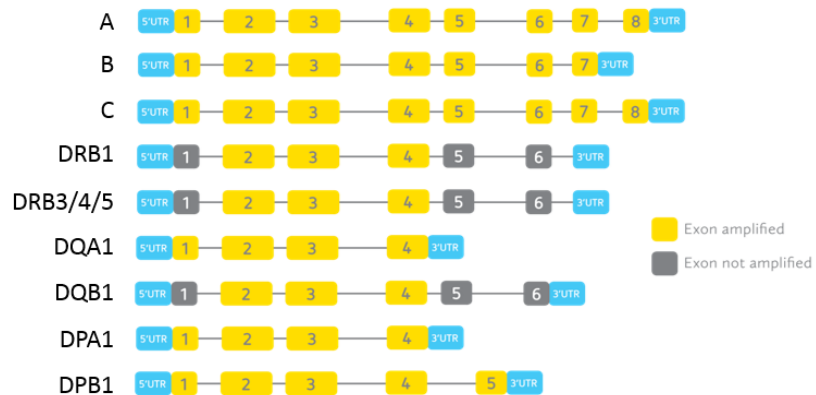
	Secuenciación tradicional	Plataforma Illumina
Capacidad	1 placa = 1,57 pacientes	4 flow cell = 192 pacientes
Tiempos por placa	1 día	2 días
Precio/paciente	~ 1.000€	~ 50€

Estudi poblacional de pocs gens



Disseny i desenvolupament d'un protocol per a la tipificació HLA de molt alta resolució mitjançant tecnologia de seqüenciació de nova generació.

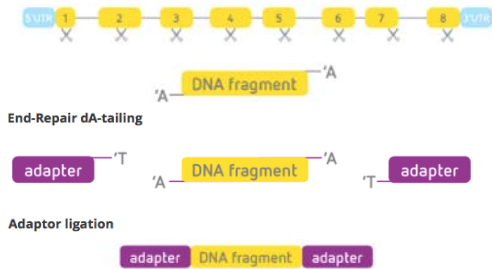
HLA genes:



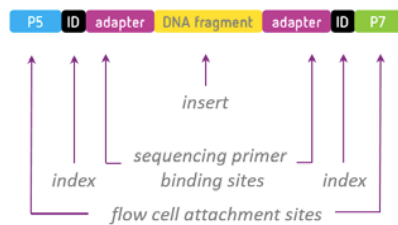
Estudi poblacional de pocs gens



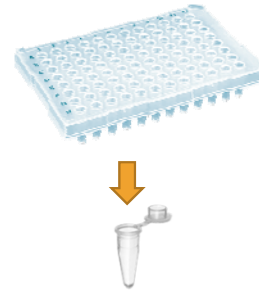
1. DNA fragmentation and adapter ligation



2. Indexing



3. Pooling



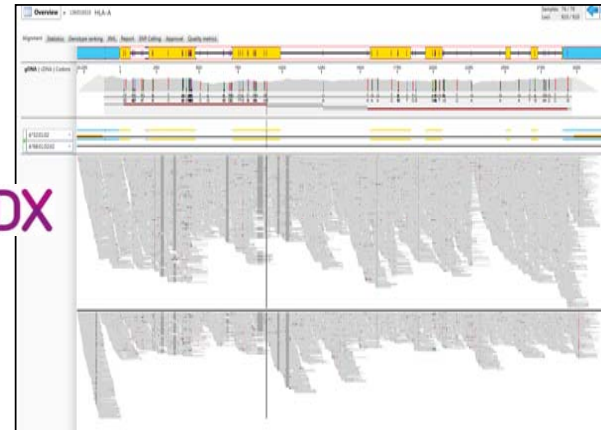
4. Sequencing



4. Analysis

NGEngine software

GENDX



Sample: 0059667_S36

Typing result

	Allele 1	Allele 2	CWD 1	CWD 2	Review status
HLA-A	02:01:01:01	32:01:01:01	C	C	Accepted (1 st rev.)
HLA-B	13:02:01:01	49:01:01:01	C	C	Accepted (1 st rev.)
HLA-C	06:02:01:01	07:01:01:01	C	C	Accepted (1 st rev.)
DRB1	04:05:01:01	04:07:01:01	C	C	Accepted (1 st rev.)
DRB4	01:03:01:01		C		Accepted (1 st rev.)
DQB1	03:01:01:01	03:02:02	C	WD	Accepted (1 st rev.)
DPB1	04:01:01:01	13:01:01:01	C	C	Accepted (1 st rev.)

Genotype ambiguities
DPB1 133:01 350:01 No No

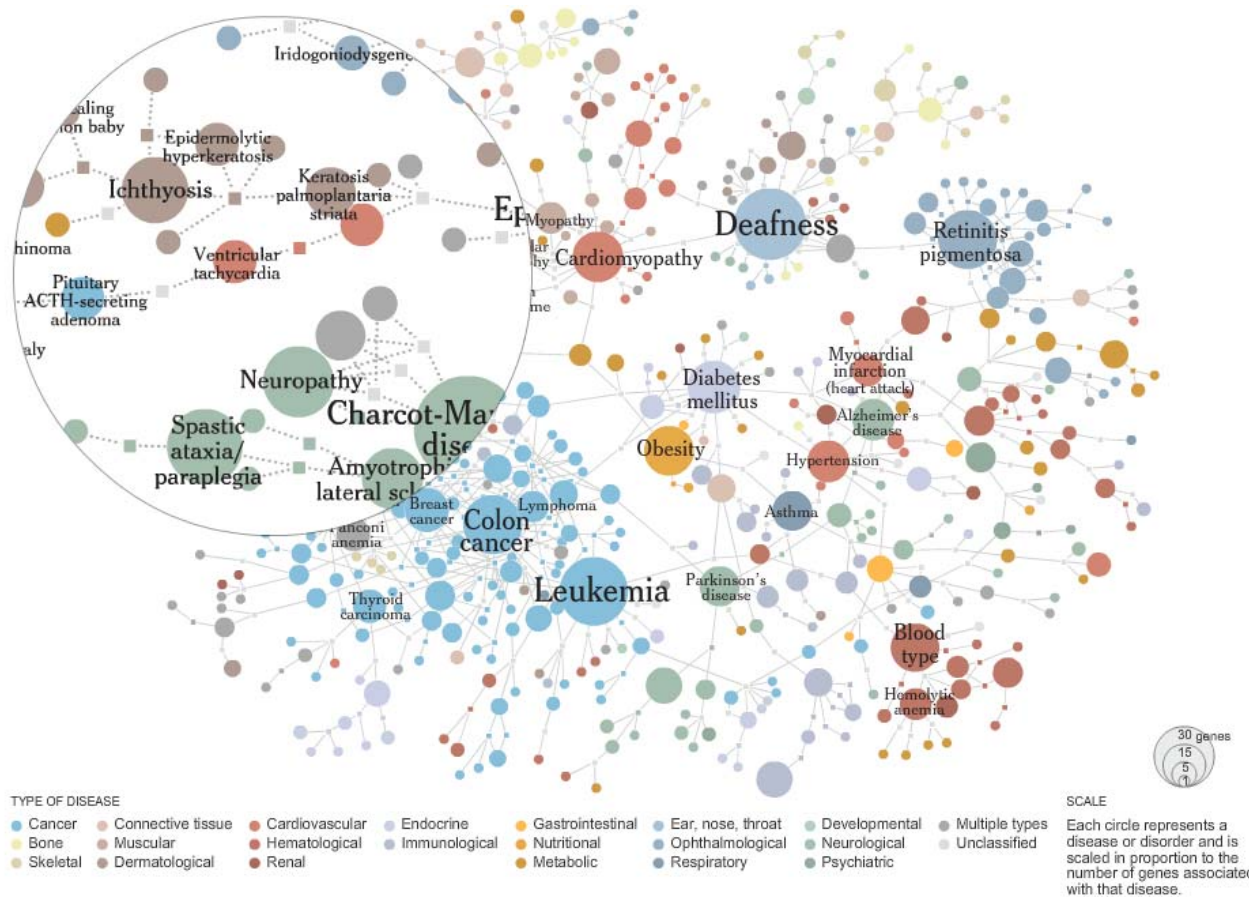
Allele ambiguities

Major fields	CWD	4th field	CWD
A*02:01:01:01		A*02:01:01:16	No
C*07:01:01:01		C*07:01:01:16	No
DRB1*04:05:01:01		DRB1*04:05:01:02	No
DRB1*04:05:01:01		DRB1*04:05:01:03	No
DRB1*04:07:01:01		DRB1*04:07:01:02	No
DRB4*01:03:01:01		DRB4*01:03:01:03	No
DRB4*01:03:01:01		DRB4*01:03:01:03	No
DQB1*03:01:01:01		DQB1*03:01:01:10	No
DQB1*03:01:01:01		DQB1*03:01:01:20	No
DPB1*13:01:01:01	No	DPB1*107:01	

Libraries used
INGT 3.32.0



Panells de gens



Diseaseome
The Human Disease Network

Panells de gens



Diagnóstico Molecular de la Hemofilia en Cuba. Estudio de la variabilidad genética y epidemiología poblacional

Proyecto de Investigación:

Instituto de Hematología e Inmunología (La Habana)
Banc de Sang i Teixits (Barcelona)

Exoma Clínic (panell de >4800 gens relacionats amb malaltia)

Introducing One Sequencing

The TruSight One Sequencing Panel is the industry's broadest sequencing panel with more than 4,800 genes associated with clinical research lab tests. This panel expands existing workflows, or creates a portfolio of options. See how the TruSight One data analysis software offers a



ORIGINAL RESEARCH
published: 01 October 2019
doi: 10.3389/fimmu.2019.02325



Expanding the Clinical and Genetic Spectra of Primary Immunodeficiency-Related Disorders With Clinical Exome Sequencing: Expected and Unexpected Findings

Francesc Rudilla^{1,2†}, Clara Franco-Jarava^{3,4†}, Mónica Martínez-Gallo^{3,4}, Marina Garcia-Prat^{4,5}, Andrea Martín-Nalda^{4,5}, Jacques Rivière^{4,5}, Aina Aguiló-Cucurull^{3,4}, Laura Mongay¹, Francisco Vidal^{1,2,6}, Xavier Solanich⁷, Iñaki Irastorza⁸, Juan Luis Santos-Pérez⁹, Jesús Tercedor Sánchez¹⁰, Ivon Cuscó¹¹, Clara Serra¹¹, Noelia Baz-Redón¹², Mónica Fernández-Cancio^{12,13}, Carmen Carreras¹⁴, José Manuel Vagace¹⁵, Vicenç Garcia-Patos¹⁶, Ricardo Pujol-Borrell^{3,4}, Pere Soler-Palacín^{4,5} and Roger Colobran^{3,4,11*}

RESEARCH ARTICLE

Novel Double Factor PGT strategy analyzing blastocyst stage embryos in a single NGS procedure

3 CATALUNYA RÀDIO NOTÍCIES ESPORTS CULTURA EL TEMPS DIRECTES

Notícies

Videos Audios Seccions

UAB

Universitat Autònoma de Barcelona

Investigadors catalans revolucionen la detecció de malalties genètiques en embrions

Permet analitzar fins a 4.800 gens causants de les malalties genètiques més freqüents i desequilibris en els cromosomes

Xavier Duran 04/12/2018 - 14:02 | Actualitzat 05/12/2018 - 15:47



Conveni de col·laboració pel desenvolupament del programa RAPID (Rapid and Advanced diagnosis and treatment of Primary ImmunoDeficiencies)



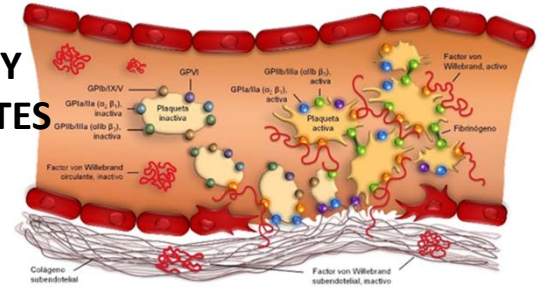
Exoma Complet (WES)



Exome = 1%



IMPLICACION DE LA ADHESIVIDAD PLAQUETARIA Y FENOTIPOS RELACIONADOS, Y SUS DETERMINANTES GENÉTICOS, EN EL RIESGO DE ETV. RETROVE 3.



WHOLE-EXOME SEQUENCING TO IDENTIFY FACTOR VIII GENE MUTATIONS AND AUTOIMMUNE GENETIC RISK LOCI IN PATIENTS WITH ACQUIRED HAEMOPHILIA.



Vall d'Hebron Hospital

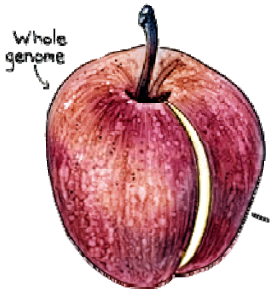
nfosalus / actualidad

La Sociedad Española de Trombosis y Hemostasia pone en marcha el primer Registro Nacional de Hemofilia Adquirida

ABORDAJE DE LOS TRASTORNOS HEMORRÁGICOS HEREDITARIOS DE ETIOLOGÍA COMPLEJA MEDIANTE LA APLICACIÓN DE UNA ESTRATEGIA COMUN DE SECUENCIACIÓN DE EXOMAS.



Seqüenciació de genomes (WGS)



GCAT|Genomes for Life.

Estudi Prospectiu dels Genomes de Catalunya, és un projecte de recerca biomèdica molt ambiciós que uneix interès científic, mèdic i social. S'ha dissenyat per l'estudi del factors genètics i ambientals que condueixen a l'aparició de les malalties cròniques en la població general. Moltes d'aquestes malalties, com el càncer, la diabetis, les malalties cardiovasculars o les malalties respiratòries, afecten a una gran part de la població i son causa d'una elevada mortalitat, representant també una elevada despesa en gestió sanitària degut al seu caràcter crònic.



Third Generation Sequencing (TGS)



Seqüenciadors a temps real d'una sola molècula



<https://www.youtube.com/watch?v=rXfS4wJoVLQ>

FUTURE LOADING



PLEASE WAIT...

Social Genome



Home > Next in the Genomics Revolution: The Era of the "Social Genome"

Next in the Genomics Revolution: The Era of the "Social Genome"

Social Genome



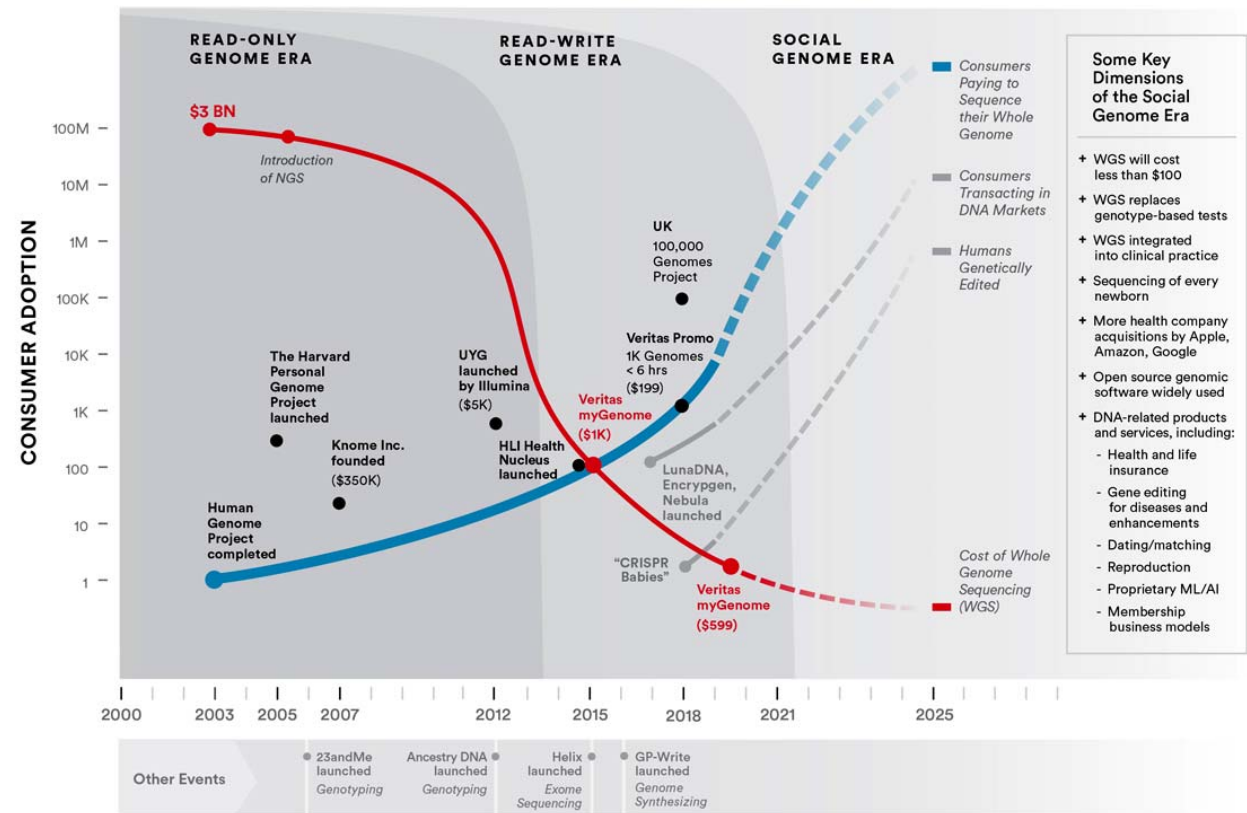
MyGenome App



Available on the iPad
App Store

The Emerging "Social Genome" v3.0 July 2019

Illustrative Diagram
 Some of these dates and figures are estimates based on publicly available information and conversations.



Google Genomics



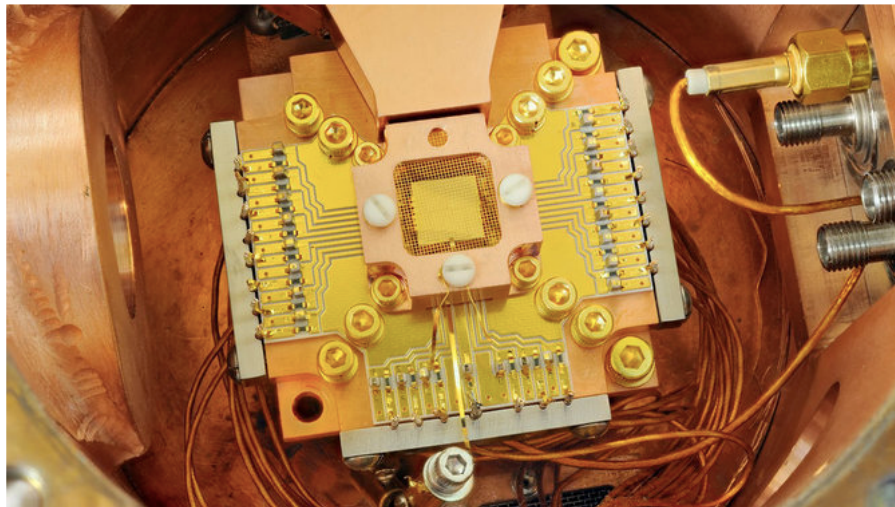
Què canviarà amb el revolucionari ordinador quàntic de Google

En un assaig, la màquina va fer en poc més de 3 minuts un càlcul que hauria necessitat 10.000 anys en els superordinadors actuals

Xavier Duran
25/10/2019 - 12.38 | Actualitzat 27/10/2019 - 16.31



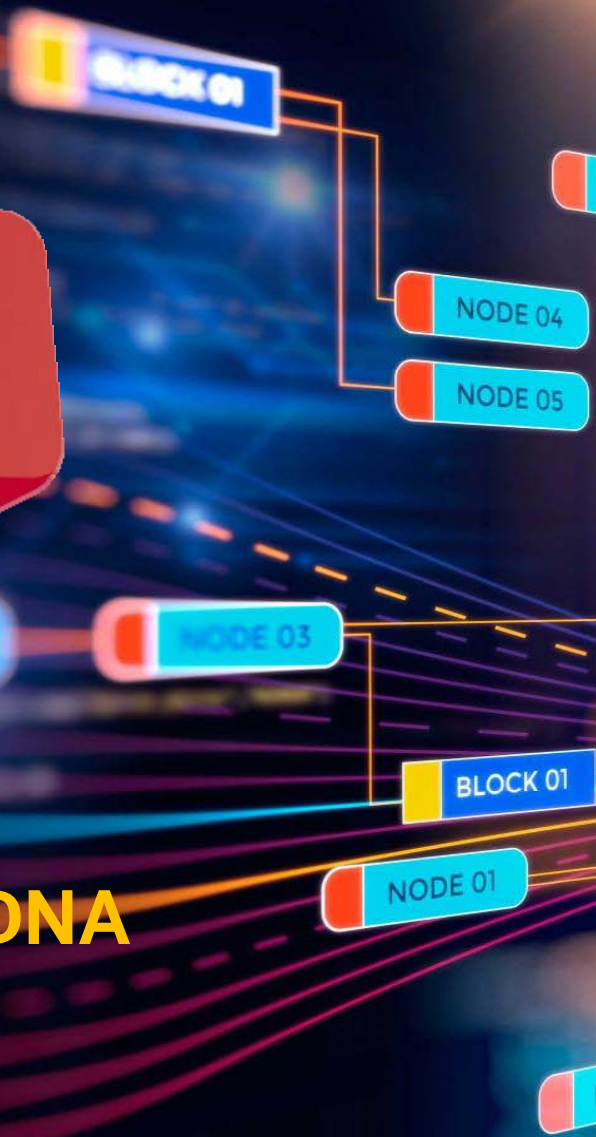
TEMA: CIÈNCIA



- Metàfora
- Símil
- Hipèrbole
- Metonímia
- Sinécdoque
- Anàfora
- Prosopopeya
- Epíteto
- Alegoria
- Aliteració
- Hipèrbaton
- Ironia
- Paradoja
- Oxímoron
- Onomatopeya
- Sinestèsia
- Pleonasmo
- Perífrasis
- Etopeya
- Prosopografia
- Polisíndeton
- Elipsis
- Antítesis
- Asíndeton
- Descripció
- Calambur
- Apòstrofe
- Gradació
- Retruécano
- Quiasmo

Moltes gràcies

**APRENENT A
INTERPRETAR EL DNA**



```
mirror_mod = modifier_ob.  
set mirror_mod.mirror_object  
operation == "MIRROR_X":  
mirror_mod.use_x = True  
mirror_mod.use_y = False  
mirror_mod.use_z = False  
operation == "MIRROR_Y":  
mirror_mod.use_x = False  
mirror_mod.use_y = True  
mirror_mod.use_z = False  
operation == "MIRROR_Z":  
mirror_mod.use_x = False  
mirror_mod.use_y = False  
mirror_mod.use_z = True  
selection at the end -add  
obj.select= 1  
obj.select=1  
context.scene.objects.active  
"Selected" + str(modifier_ob.  
mirror_ob.select = 0  
bpy.context.selected_object  
data.objects[one.name].select  
print("please select exactly  
OPERATOR CLASSES -----  
types.Operator):  
X mirror to the selected  
object.mirror_mirror_x"  
mirror_x"  
context):  
context.active_object is not
```