



Dr n. med. Tadeusz Osadnik

III Katedra i Oddział Kliniczny Kardiologii Śląskie Centrum Chorób Serca

Laboratorium Genomiki, Śląski Park Technologii Medycznych KardioMED Silesia

genomika@kmptm.pl

Gdzie jesteśmy ?

Medycyna spersonalizowana chorób układu krążenia – genomika

TADEUSZ OSADNIK,¹ ANDRZEJ WICZKOWSKI,² PATRYCJA WIZIŃSKA,³
JOANNA KATARZYNA STRZELCZYK,² BOŻENA SZYGULA-JURKIEWICZ,¹
LECH POŁOŃSKI¹

Wprowadzenie

W marcu 2012 r. w *Kardiologii po Dyplomie* ukazał się przedruk z *New England Journal of Medicine* niezwykle interesującego artykułu autorstwa Christophera J. O'Donnella i Elizabeth G. Nabel, w którym omówiono pojęcie genomiki i dokonano przeglądu wyników badań genetycznych i genomicznych związanych z analizą patomechanizmu różnych chorób układu krążenia [1].

W niniejszym artykule autorzy chcą ukazać rolę, jaką może odegrać genomika w indywidualizacji prewencji i terapii chorób układu krążenia.

Medycyna spersonalizowana (indywidualizowana) zakłada dostosowanie metod prewencji i terapii do każdego chorego z uwzględnieniem wszystkich znanych cech różniących go od innych osób z daną chorobą. Obecnie indywidualizacja postępowania lekarskiego opiera się głównie na analizie czynników ryzyka wystąpienia niekorzystnych zdarzeń sercowo-naczyniowych zidentyfikowanych w badaniach obserwacyjnych i randomizowanych badaniach klinicznych. Wraz z rosnącymi osiągnięciami nauk podstawowych indywidualizacja terapii zaczyna uwzględniać także profil molekularny chorego, w skład którego wchodzi analiza DNA, RNA, białek i metabolitów. Niniejszy artykuł poświęcony jest genomice, czyli dziedzinie biologii molekularnej, której głównym obszarem zainteresowań jest analiza genomu.

Odkrycie struktury DNA przez Watsona i Cricka, identyfikacja mutacji odpowiedzialnych za wystąpienie chorób monogenowych oraz zakończenie sukcesem prac nad poznaniem sekwencji ludzkiego genomu w 2003 r. sprawiły, że indywidualizacja terapii w oparciu o profil molekularny stała się jednym z głównych celów współczesnej nauki [1-3]. Na podstawie projektu sekwencjonowania ludzkiego genomu liczbę par zasad tworzących genom określono na ponad 3 miliardy, a liczbę genów na 22 000-25 000. Za różnice międzyosobnicze wydaje się natomiast odpowiadać zmienność 0,1% materiału genetycznego. Przewiduje się, że większą z nich stanowi polimorfizm pojedynczego nukleotidu

¹ Śląskie Centrum Chorób Serca w Zabrzu, III Katedra i Oddział Kliniczny Kardiologii, Śląski Uniwersytet Medyczny Katowice

² Katedra i Zakład Ogólnej Biologii Lekarskiej, Śląski Uniwersytet Medyczny Katowice

³ Katedra i Zakład Histologii i Embriologii, Uniwersytet Medyczny im. Piastów Śląskich, Wrocław

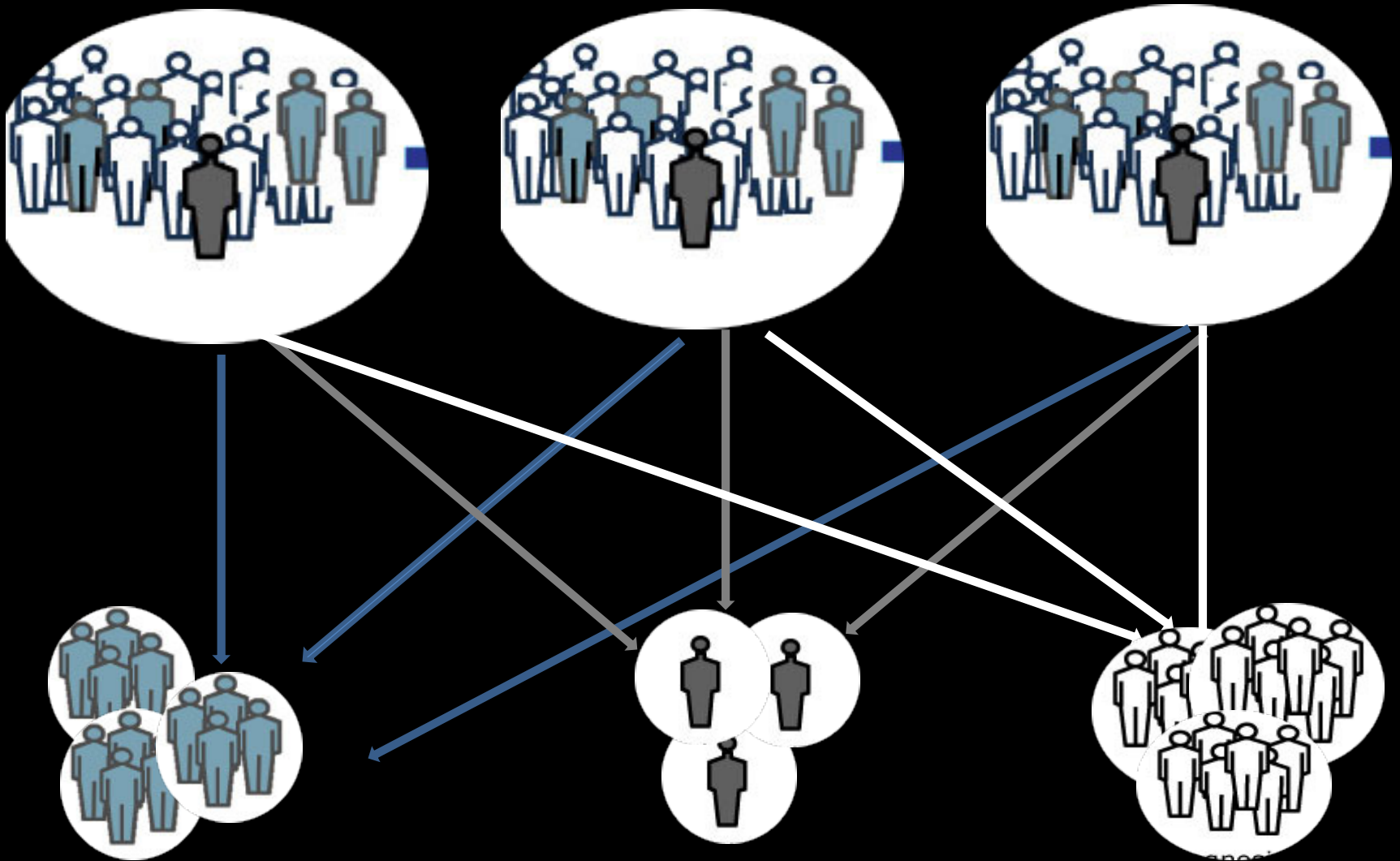
Adres do korespondencji:
dr n. med. Tadeusz Osadnik
Śląskie Centrum Chorób Serca w Zabrzu,
III Katedra i Oddział Kliniczny Kardiologii,
Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
ul. M. Curie-Skłodowskiej 9,
41-800 Zabrze

e-mail: tadeusz.osadnik@sccs.pl

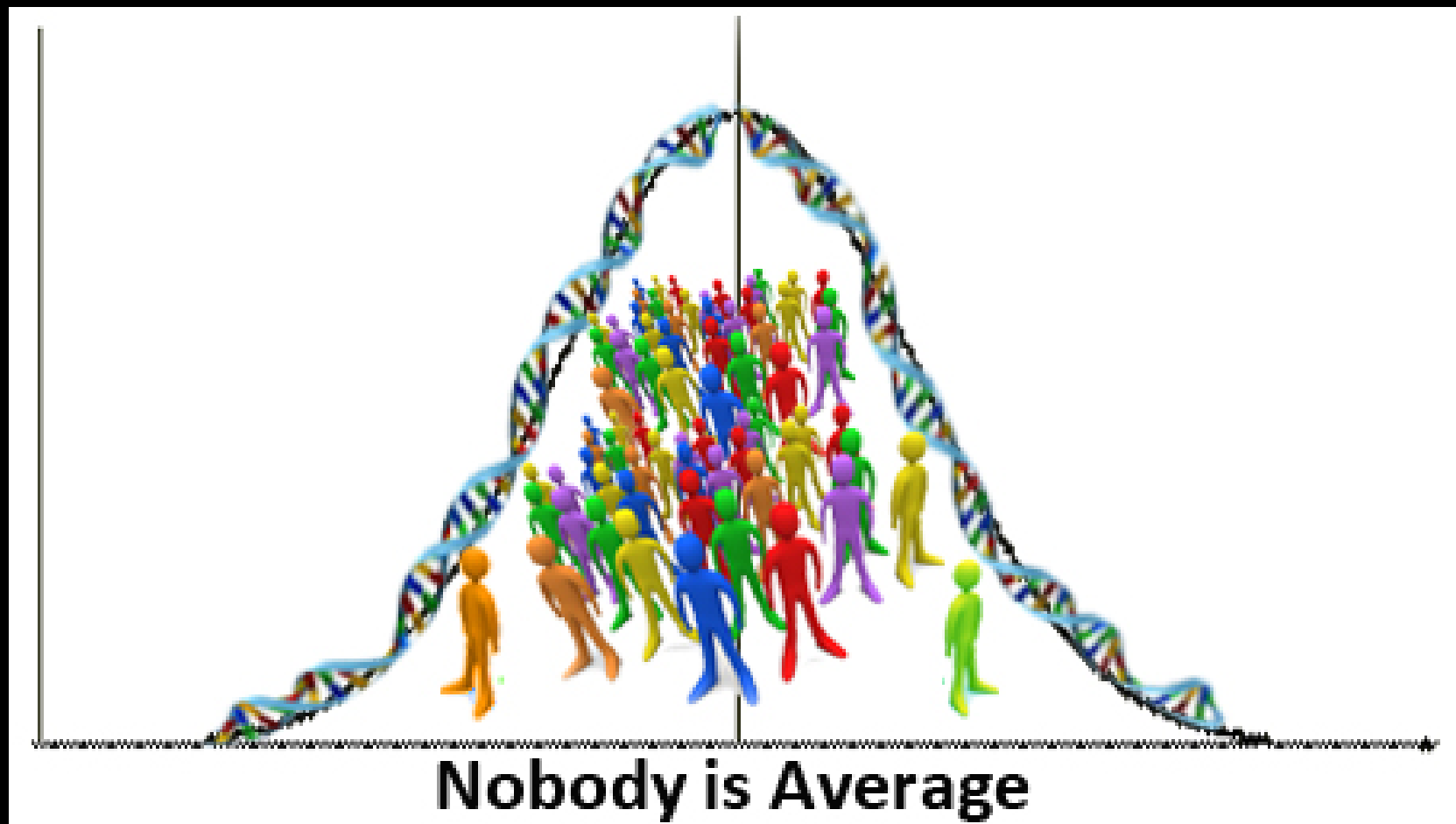
Kardiologia po Dyplomie
2012; 11 (9): 9-16

Medycyna spersonalizowana zakłada dostosowanie metod prewencji, terapii i stratyfikacji ryzyka dla każdego chorego w oparciu o wszystkie znane cechy różniące danego pacjenta od innych osób z określoną chorobą. Wykorzystywane są do tego najnowsze osiągnięcia nauki w obszarze badań molekularnych oraz technik informatycznych

Skale ryzyka



Zalecenia dotyczące badań molekularnych w wytycznych kardiologicznych



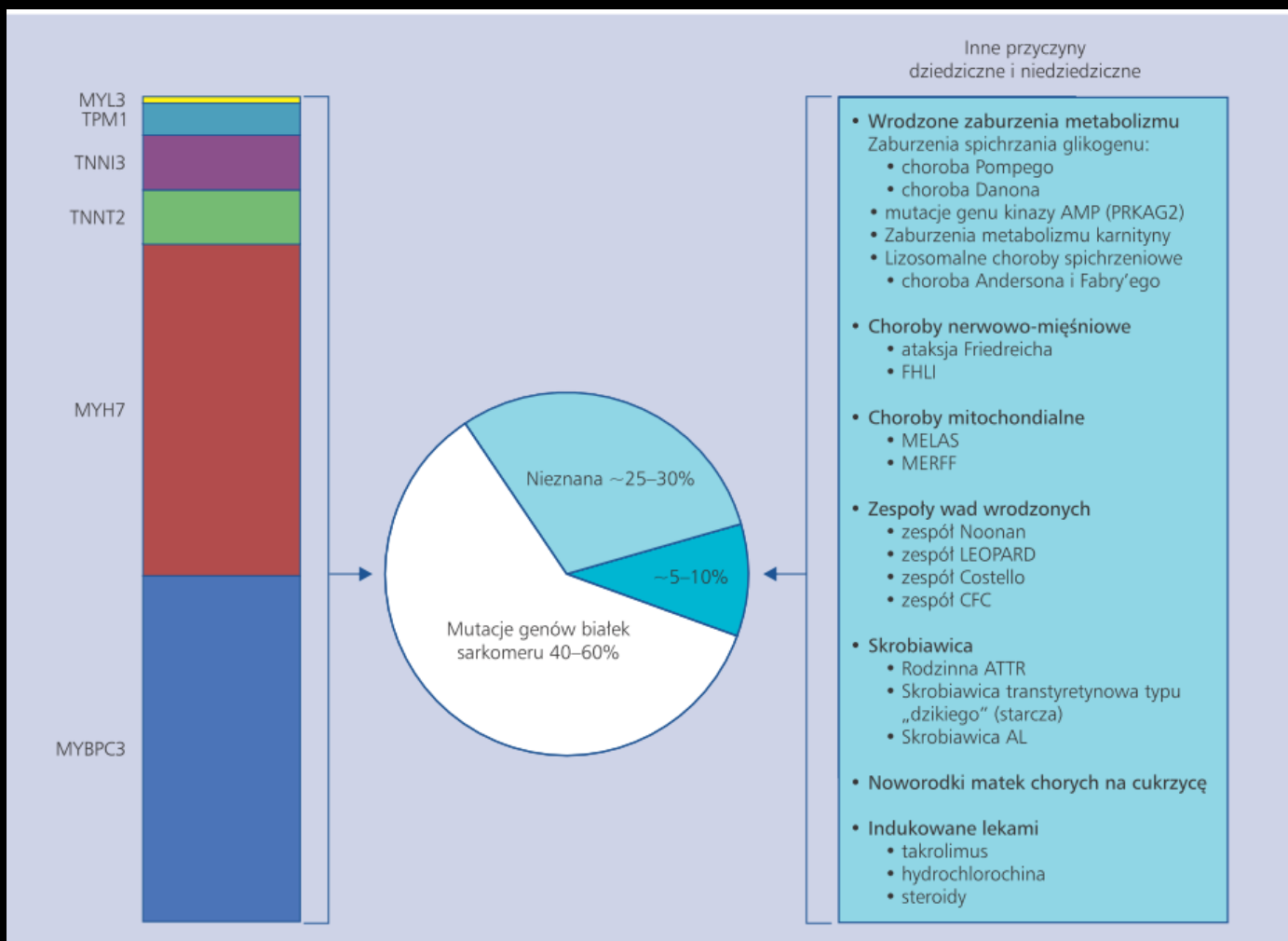
Zalecenia dotyczące badań molekularnych w wytycznych kardiologicznych

Zalecenia dotyczące poradnictwa genetycznego			
Zalecenia	Klasa ^a	Poziom ^b	Piśmien- nictwo ^c
Poradnictwo genetyczne dotyczące konieczności lub braku konieczności objęcia badaniami klinicznymi i genetycznymi członków rodziny, zaleca się u wszystkich pacjentów z HCM, u których choroba nie może zostać wyjaśniona wyłącznie przyczynami niedziedzicznymi	I	B	[169–173]
Poradnictwem genetycznym powinni zajmować się specjaliści wykształceni w tym celu, pracujący w wielodyscyplinarnych specjalistycznych zespołach	Ila	C	[168–173]

Zalecenia dotyczące badań genetycznych u probanda			
Zalecenia	Klasa ^a	Poziom ^b	Piśmien- nictwo ^c
Badania genetyczne zaleca się u pacjentów spełniających kryteria diagnostyczne HCM, jeśli umożliwia to kaskadę przesiewowych badań genetycznych ich krewnych	I	B	[24, 175, 178–180]
Zaleca się prowadzenie badań genetycznych przez laboratoria diagnostyczne specjalizujące się w interpretacji mutacji powiązanych z występowaniem kardiomiopatii	I	C	[168, 172, 183]
W przypadku występowania objawów podmiotowych i przedmiotowych sugerujących specyficzną przyczynę HCM zaleca się badania genetyczne w celu potwierdzenia rozpoznania	I	B	[36–40, 43–46, 67]

„Kiedy u pacjenta zostaje zidentyfikowana mutacja genetyczna odpowiedzialna za chorobę, u jego/jej krewnych należy najpierw przeprowadzić badania genetyczne, a dopiero potem ocenę kliniczną, jeśli są nosicielami tej samej mutacji”

Wytyczne ESC dotyczące rozpoznawania i postępowania w kardiomiopatii przerostowej w 2014 roku. Grupa Robocza Europejskiego Towarzystwa Kardiologicznego (ESC) do spraw rozpoznawania i postępowania w kardiomiopatii przerostowej. *Kardiologia Polska* 2014; 72, 11: 1054–1126; DOI: 10.5603/KP.2014.0212



Wytyczne ESC dotyczące rozpoznawania i postępowania w kardiomiopatii przerostowej w 2014 roku. Grupa Robocza Europejskiego Towarzystwa Kardiologicznego (ESC) do spraw rozpoznawania i postępowania w kardiomiopatii przerostowej.

Kardiologia Polska 2014; 72, 11: 1054–1126; DOI: 10.5603/KP.2014.0212

Zalecenia dotyczące badań molekularnych w wytycznych kardiologicznych

Zalecenia dotyczące badań genetycznych w chorobach aorty

Zalecenia	Klasa ^a	Poziom ^b
Zaleca się zbadanie krewnych pierwszego stopnia (rodzeństwo i rodzice) pacjenta z TAAD w celu zidentyfikowania rodzinnej postaci, w której wszyscy krewni mają 50% szansę na nosicielstwo mutacji rodzinnej/choroby	I	C
Jeśli tylko podejrzenie rodzinnej postaci TAAD jest duże, zaleca się skierowanie pacjenta do genetyka w celu zbadania rodziny i wykonania badań molekularnych	I	C
Zmienność wieku wystąpienia daje podstawy do badań przesiewowych co 5 lat u „zdrowych” krewnych obciążonych ryzykiem do czasu postawienia lub wykluczenia rozpoznania (klinicznego lub molekularnego)	I	C
W przypadku rodzinnych niespołecznych TAAD powinno się rozważyć badania przesiewowe pod kątem tętniaków, nie tylko aorty piersiowej, ale także w całym drzewie tętniczym (w tym tętnicach mózgu)	IIa	C

o ACTA2 - ~10%-14%

o TGFB1 - 1%

o TGFB2 - 4%

o MYH11 - 1%

o MYLK - 1%

o SMAD3 - 2%

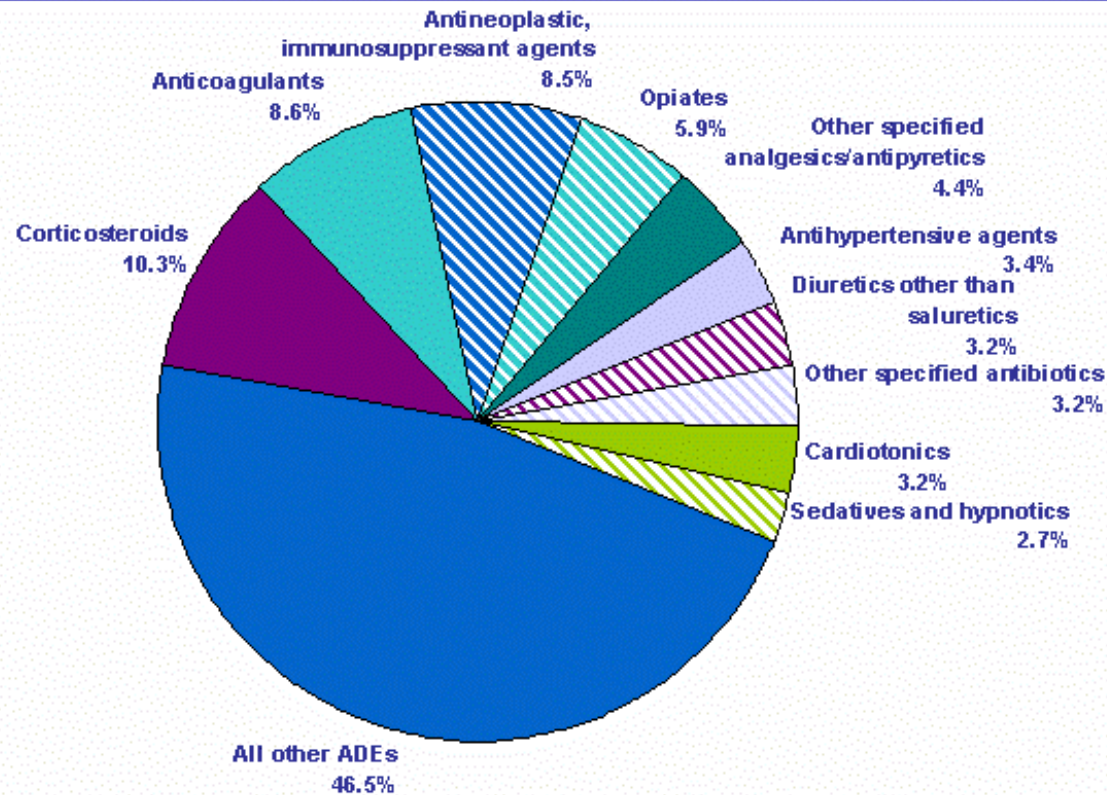
Wytyczne ESC dotyczące rozpoznawania i leczenia chorób aorty w 2014 roku Grupa Robocza Europejskiego Towarzystwa Kardiologicznego (ESC) do spraw rozpoznawania i leczenia chorób aorty. Kardiologia Polska 2014; 72, 12: 1169–1252; DOI: 10.5603/KP.2014.0225.

Milewicz D, Regallano E Thoracic Aortic Aneurysms and Aortic Dissections, Pagon RA, Adam MP, Ardinger HH, et al., editors. GeneReviews® /internet edition/

Efekty uboczne farmakoterapii - jedno z aktualnych wyzwań medycyny spersonalizowanej



Figure 4. Most common specific causes of adverse drug events (ADEs)* in U.S. hospitals, 2004



* More than one event can be recorded during a hospital stay. This is based on a total of 1,364,100 events in 1,211,100 hospital stays with at least one ADE event recorded.

Source: AHRQ, Center for Delivery, Organization, and Markets, Healthcare Cost and Utilization Project, Nationwide Inpatient Sample, 2004.

Odpowiednie dawkowanie leku - jedno z aktualnych wyzwań medycyny spersonalizowanej

The NEW ENGLAND JOURNAL of MEDICINE

ESTABLISHED IN 1812

DECEMBER 12, 2013

VOL. 369 NO. 24

A Pharmacogenetic versus a Clinical Algorithm for Warfarin Dosing

Stephen E. Kimmel, M.D., Benjamin French, Ph.D., Scott E. Kasner, M.D., Julie A. Johnson, Pharm.D., Jeffrey L. Anderson, M.D., Brian F. Gage, M.D., Yves D. Rosenberg, M.D., Charles S. Eby, M.D., Rosemary A. Madigan, R.N., M.P.H., Robert B. McBane, M.D., Sherif Z. Abdel-Rahman, Ph.D., Scott M. Stevens, M.D., Steven Yale, M.D., Emile R. Mohler III, M.D., Margaret C. Fang, M.D., Vinay Shah, M.D., Richard B. Horenstein, M.D., Nita A. Limdi, Pharm.D., Ph.D., James A.S. Muldowney III, M.D., Jaspal Gujral, M.B., B.S., Patrice Delafontaine, M.D., Robert J. Desnick, M.D., Ph.D., Thomas L. Ortel, M.D., Ph.D., Henny H. Billett, M.D., Robert C. Pendleton, M.D., Nancy L. Geller, Ph.D., Jonathan L. Halperin, M.D., Samuel Z. Goldhaber, M.D., Michael D. Caldwell, M.D., Ph.D., Robert M. Califf, M.D., and Jonas H. Ellenberg, Ph.D., for the COAG Investigators*

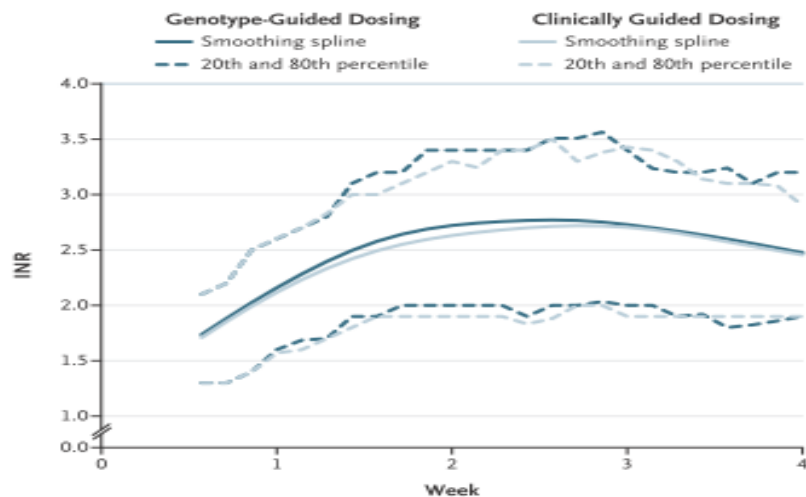


Figure 2. Range of INRs during the 4-Week Study.

Shown are the INRs from the completion of the intervention period (day 4 or 5) to day 28 of therapy in the two study groups. Solid lines represent smoothing splines with 5 degrees of freedom. Dashed lines represent the 20th and 80th percentiles of INR values calculated over a 3-day window.

The NEW ENGLAND JOURNAL of MEDICINE

ORIGINAL ARTICLE

A Randomized Trial of Genotype-Guided Dosing of Warfarin

Munir Pirmohamed, Ph.D., F.R.C.P., Girvan Burnside, Ph.D., Niclas Eriksson, Ph.D., Andrea L. Jorgensen, Ph.D., Cheng Hock Toh, M.D., Toby Nicholson, F.R.C.Path., Patrick Kesteven, M.D., Christina Christersson, M.D., Ph.D., Bengt Wahlström, M.D., Christina Stafberg, M.D., J. Eunice Zhang, Ph.D., Julian B. Leathart, M.Phil., Hugo Kohnke, M.Sc., Anke H. Maitland-van der Zee, Pharm.D., Ph.D., Paula R. Williamson, Ph.D., Ann K. Daly, Ph.D., Peter Avery, Ph.D., Farhad Kamali, Ph.D., and Mia Wadelius, M.D., Ph.D., for the EU-PACT Group*

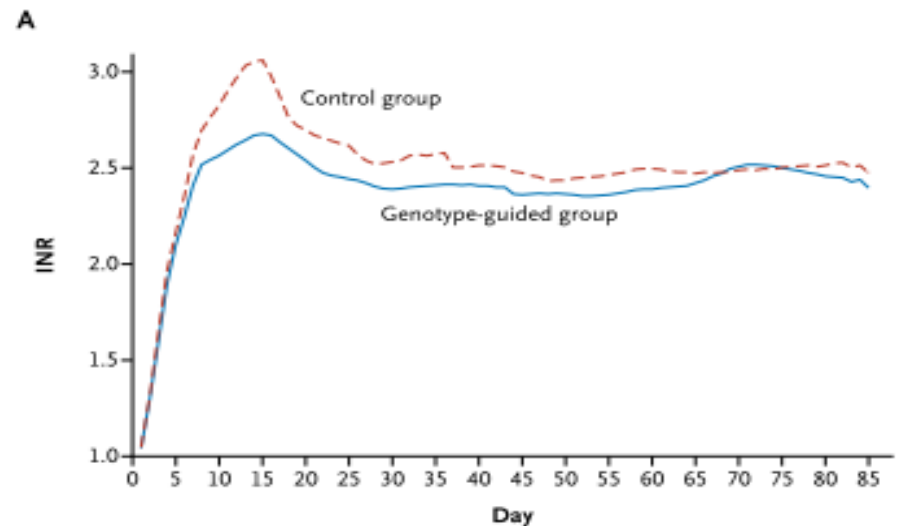
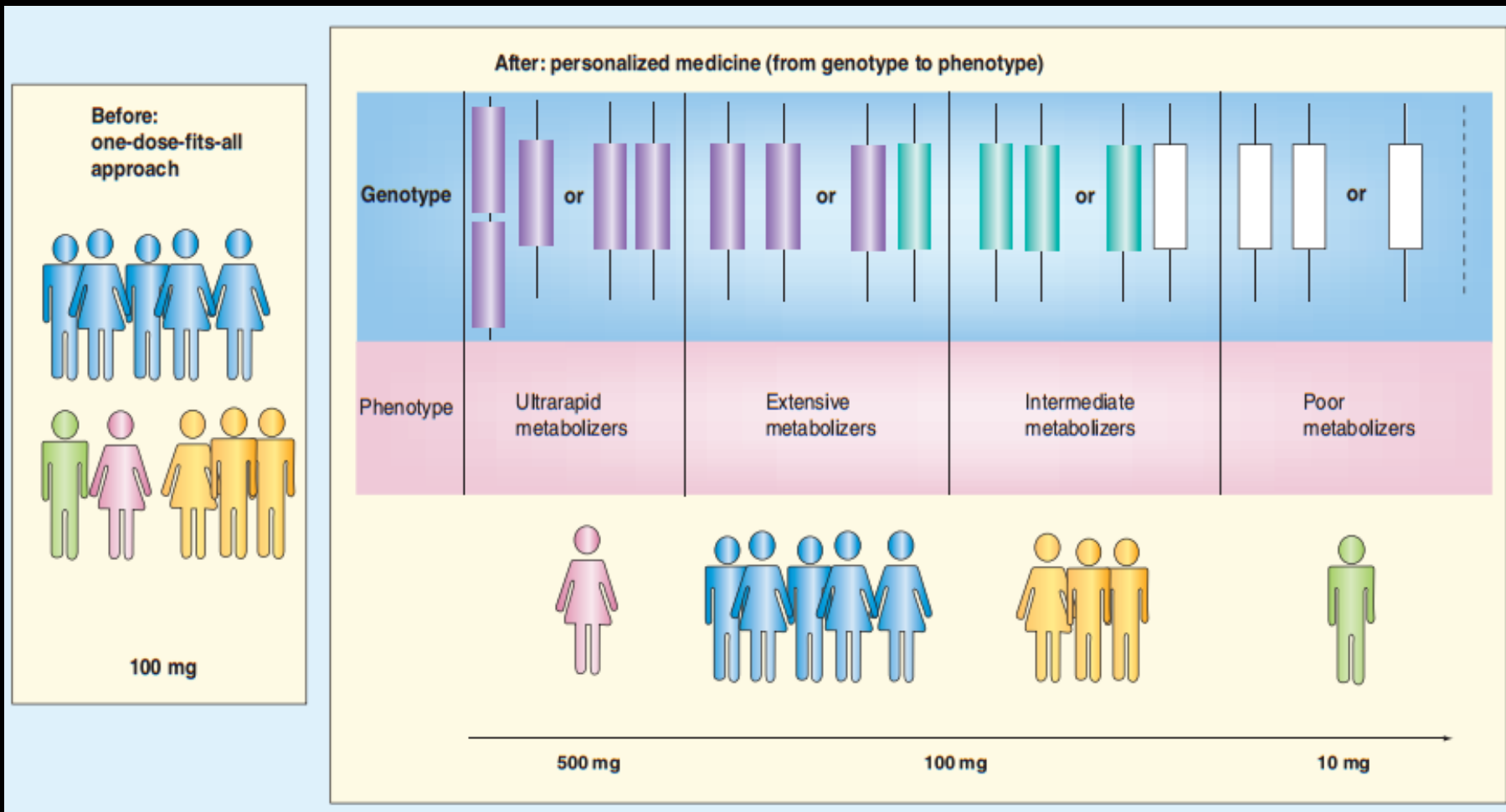
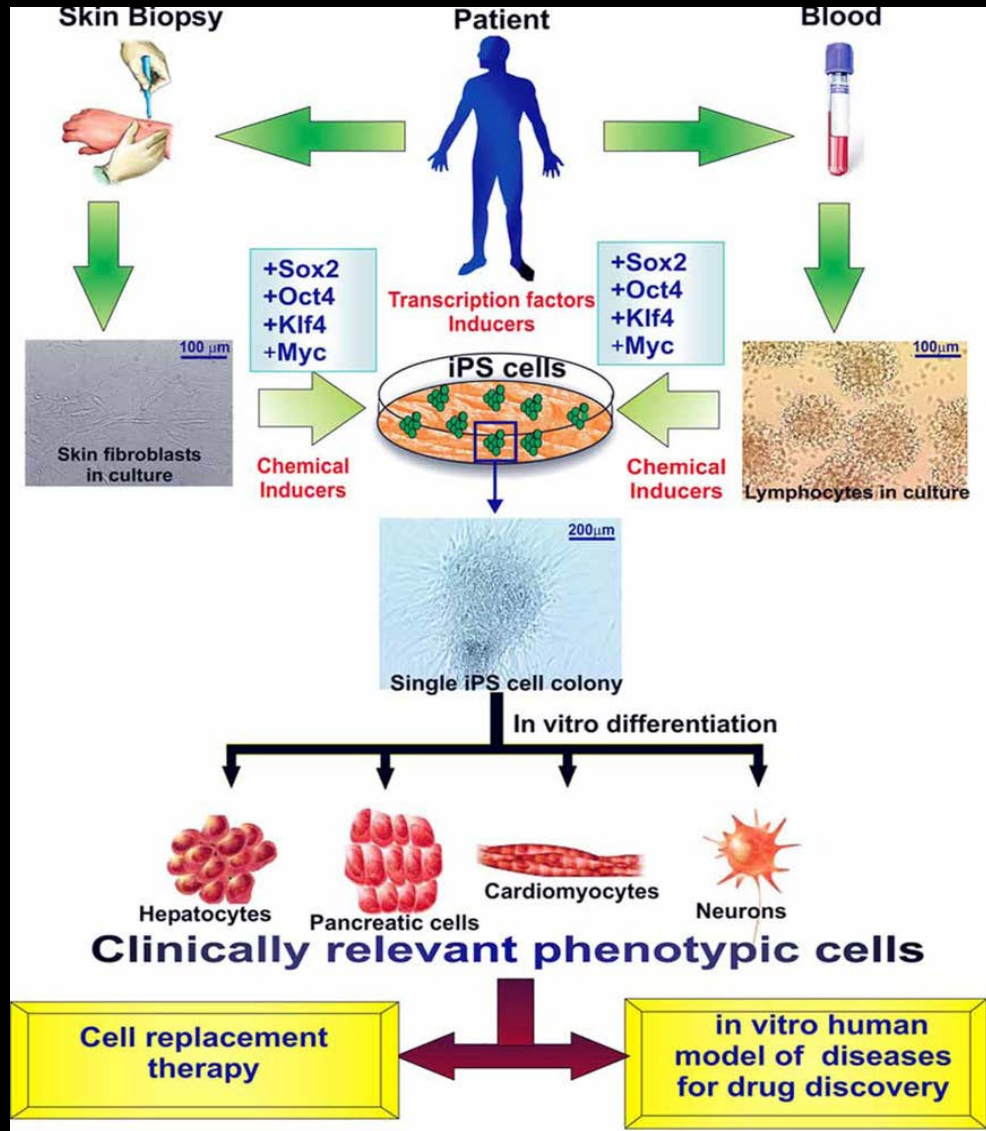


Figure 1. Mean International Normalized Ratio (INR) and Percentage of Time in the Therapeutic INR Range.

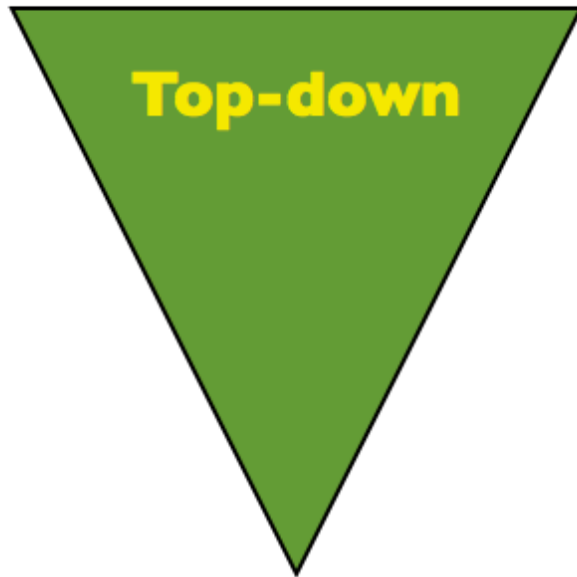
Efekty uboczne farmakoterapii - jedno z aktualnych wyzwań medycyny spersonalizowanej



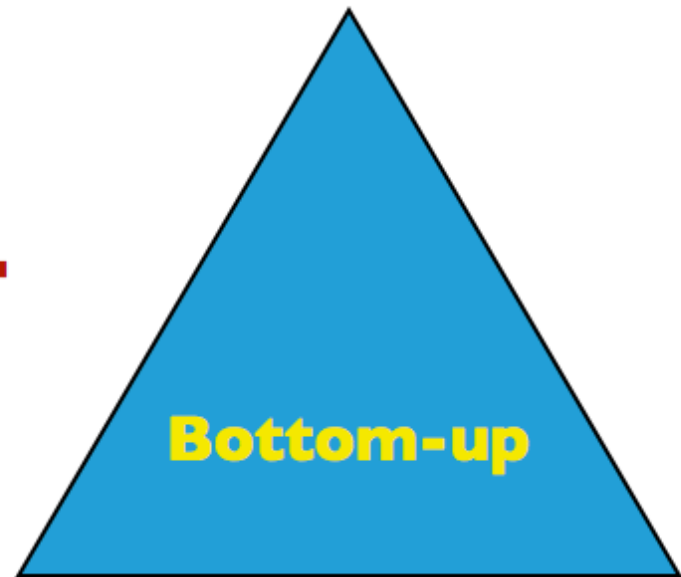
Indukowane pluripotencjalne komórki macierzyste



Gunaseeli I. Induced pluripotent stem cells as a model for accelerated patient- and disease-specific drug discovery. *Curr Med Chem.* 2010;17(8):759-66.



+



Dokąd zmierzamy?

Medycyna spersonalizowana – konieczność integracji dużej ilości danych

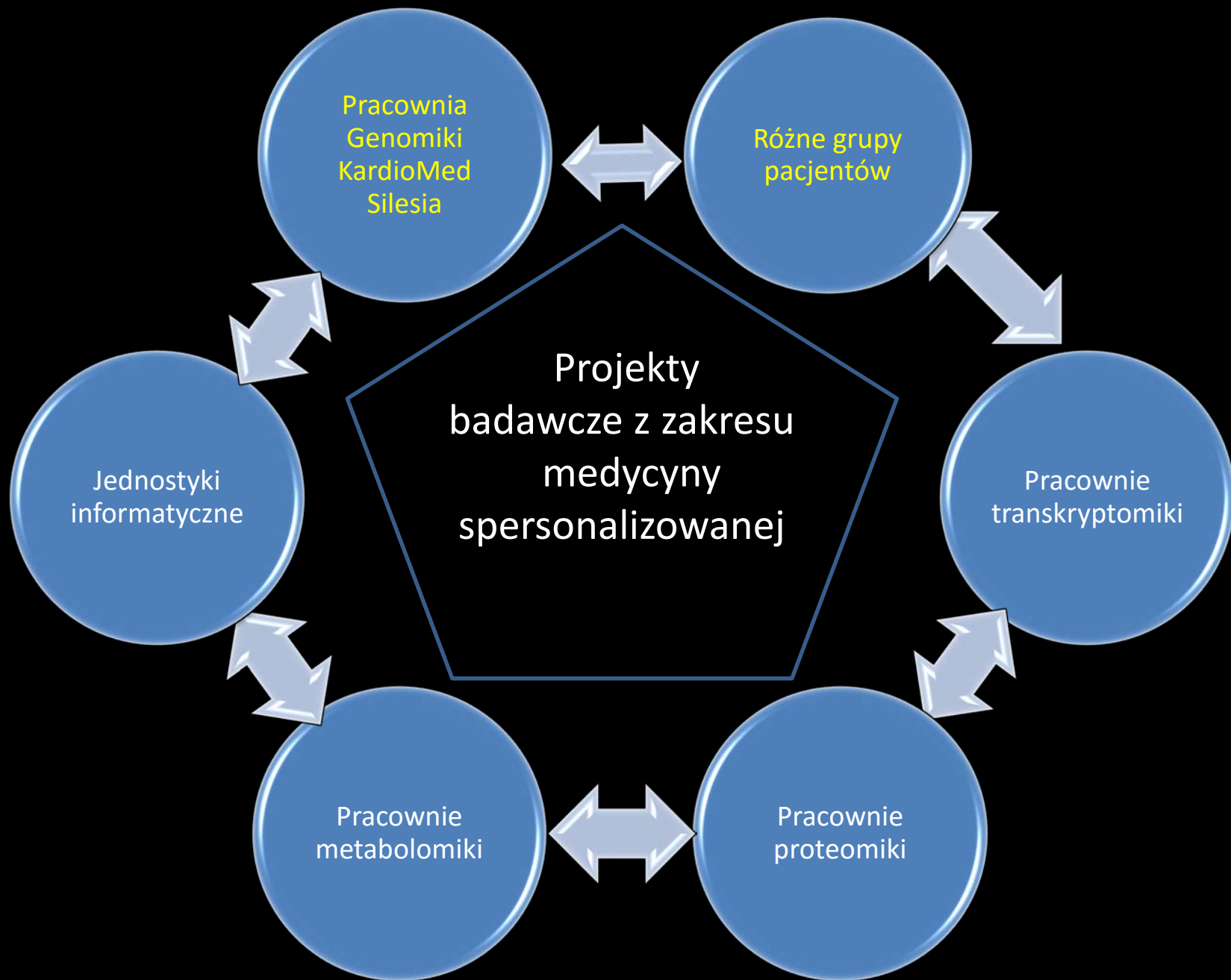
	RNA-Seq	ncRNA	ChIP-Seq Histone	ChIP-Seq TF	CpG DNA Methylation	DNase-Seq	Complete DNA sequencing	Exome sequencing	Proteomics	Metabolomics	Chromatin Conformation	Clinical Data	Co-morbidities	Other
RNA-Seq		29.6%	24.8%	29.6%	32.8%	16.0%	21.6%	22.4%	36.8%	21.6%	14.4%	28.0%	10.4%	0.0%
ncRNA	6.4%		8.0%	7.2%	10.4%	4.0%	6.4%	8.0%	5.6%	4.0%	1.6%	10.4%	4.0%	0.0%
ChIP-Seq Histone	6.4%	0.8%		16.0%	16.0%	11.2%	3.2%	4.8%	7.2%	4.0%	8.8%	5.6%	2.4%	0.0%
ChIP-Seq TF	6.4%	0.8%	0.8%		12.0%	16.0%	5.6%	7.2%	9.6%	4.0%	10.4%	7.2%	2.4%	0.0%
CpG DNA Methylation	11.2%	2.4%	3.2%	2.4%		8.8%	9.6%	7.2%	6.4%	4.0%	9.6%	12.0%	4.8%	0.0%
DNase-Seq	4.0%	0.8%	1.6%	2.4%	4.8%		4.0%	5.6%	4.8%	4.0%	10.4%	9.6%	2.4%	0.0%
Complete DNA sequencing	8.8%	1.6%	1.6%	1.6%	2.4%	4.0%		10.4%	13.6%	10.4%	2.4%	20.0%	5.6%	0.0%
Exome sequencing	17.6%	0.8%	1.6%	0.8%	2.4%	0.8%	6.4%		12.0%	8.8%	0.0%	20.0%	7.2%	0.0%
Proteomics	15.2%	1.6%	0.8%	0.8%	1.6%	2.4%	4.8%	8.0%		27.2%	5.6%	16.8%	5.6%	1.6%
Metabolomics	16.8%	2.4%	2.4%	1.6%	3.2%	2.4%	6.4%	4.8%	10.4%		2.4%	17.6%	6.4%	0.8%
Chromatin Conformation	0.8%	0.0%	2.4%	2.4%	0.8%	0.0%	0.8%	0.0%	0.0%	0.8%		4.0%	2.4%	0.0%
Clinical Data	31.2%	8.0%	7.2%	9.6%	15.2%	9.6%	20.0%	21.6%	16.8%	20.0%	4.0%		14.4%	3.2%
Co-morbidities	8.8%	4.0%	3.2%	5.6%	6.4%	4.8%	7.2%	5.6%	2.4%	5.6%	0.8%	16.0%		1.6%
Other	0.8%	0.0%	0.0%	0.0%	0.8%	0.0%	0.8%	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%	2.4%	0.8%	
Same data Type in Basic Science	14.4%	6.4%	5.6%	6.4%	4.8%	3.2%	5.6%	4.0%	7.2%	4.8%	2.4%	4.0%	3.2%	1.6%
Same data type in Clinical Environment	5.6%	0.0%	0.0%	0.8%	0.8%	0.0%	2.4%	0.0%	1.6%	4.0%	0.0%	5.6%	0.8%	0.0%

David Gomez-Cabrero. Data integration in the era of omics: current and future challenges BMC Syst Biol. 2014; 8(Suppl 2): I1.

PHASE : INTERPRETATION
TWO

I THINK I
FOUND
A CORNER
PIECE.





Medycyna spersonalizowana – wybór aktualnie realizowanych projektów

Medycyna spersonalizowana – skale ryzyka

PL-ACS

ZESPÓŁ PL-ACS

Lech Poloński

Mariusz Gąsior

Marek Gierlotka

Ścisła współpraca z PL-ACS

Ministerstwo Zdrowia

Narodowy Fundusz Zdrowia

Krajowy Zespół Nadzoru Specjalistycznego

Polskie Towarzystwo Kardiologiczne

Kierownicy Klinik Kardiologii

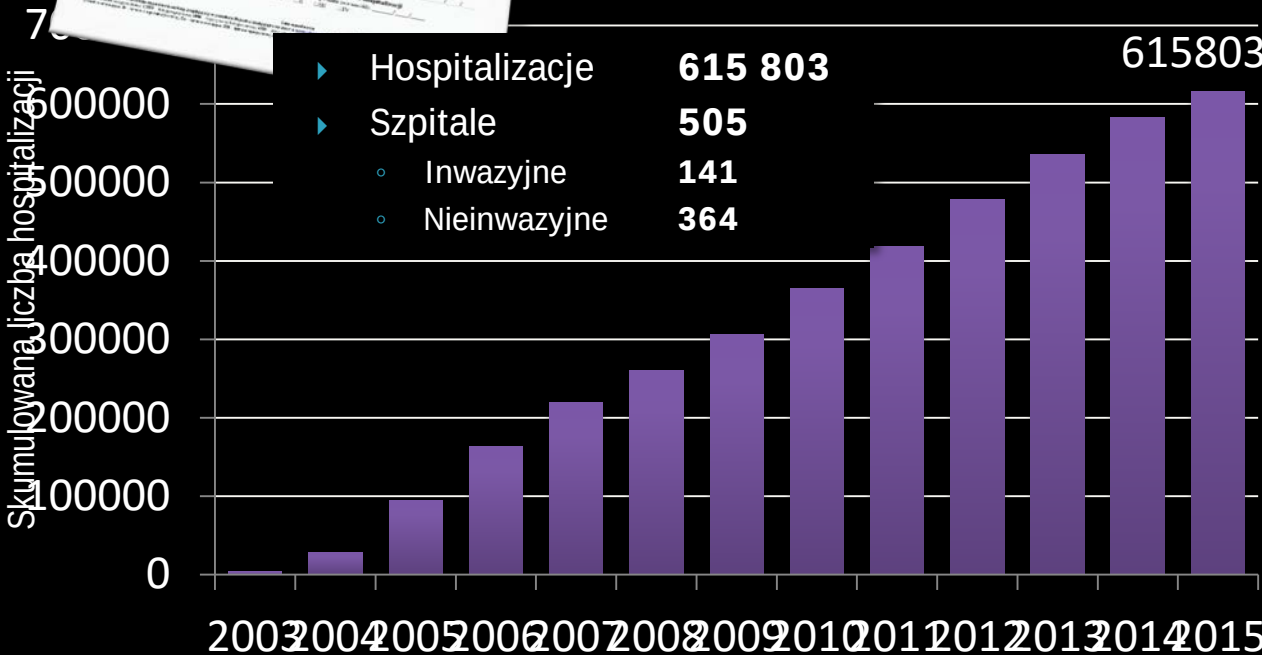
Kierownicy Klinik Kardiochirurgii

Ordynatorzy Oddziałów Kardiologii

Ordynatorzy Oddziałów Kardiochirurgii

Ordynatorzy Oddziałów Chorób Wewnętrznych

Dyrekcje Szpitali



AMI-PL



**Incidence, treatment, in-hospital mortality
and one-year outcomes of acute myocardial
infarction in Poland in 2009–2012
— nationwide AMI-PL database**

Marek Gierlotka¹, Tomasz Zdrojewski^{2,3}, Bogdan Wojtyniak³, Lech Polorński¹, Jakub Stokwiszewski³,
Mariusz Gąsior¹, Adam Kozierkiewicz⁴, Zbigniew Kalarus⁵, Łukasz Wierucki², Krzysztof Chlebus⁶,
Marian Zembala⁷, Mirosław Wysocki⁸, Grzegorz Opolski⁹

¹3rd Chair and Department of Cardiology, Department of Cardiovascular Diseases, Medical University of Silesia, Silesian Centre for Heart Diseases, Zabrze, Poland; ²Department of Arterial Hypertension and Diabetology, Medical University of Gdansk, Gdansk, Poland;
³Department-Centre of Monitoring and Analyses of Population Health, National Institute of Public Health — National Institute of Hygiene, Warsaw, Poland; ⁴JASPERS, European Investment Bank, Warsaw, Poland; ⁵Department of Cardiology, Congenital Heart Diseases and Electrotherapy, Medical University of Silesia, Silesian Centre for Heart Diseases, Zabrze, Poland; ⁶1st Department of Cardiology, Medical University of Gdansk, Gdansk, Poland; ⁷Department of Cardiac Surgery and Transplantology, Medical University of Silesia, Silesian Centre for Heart Diseases, Zabrze, Poland; ⁸Department of Health Promotion and Postgraduate Education, National Institute of Public Health — National Institute of Hygiene, Warsaw, Poland; ⁹1st Department of Cardiology, Medical University of Warsaw, Warsaw, Poland

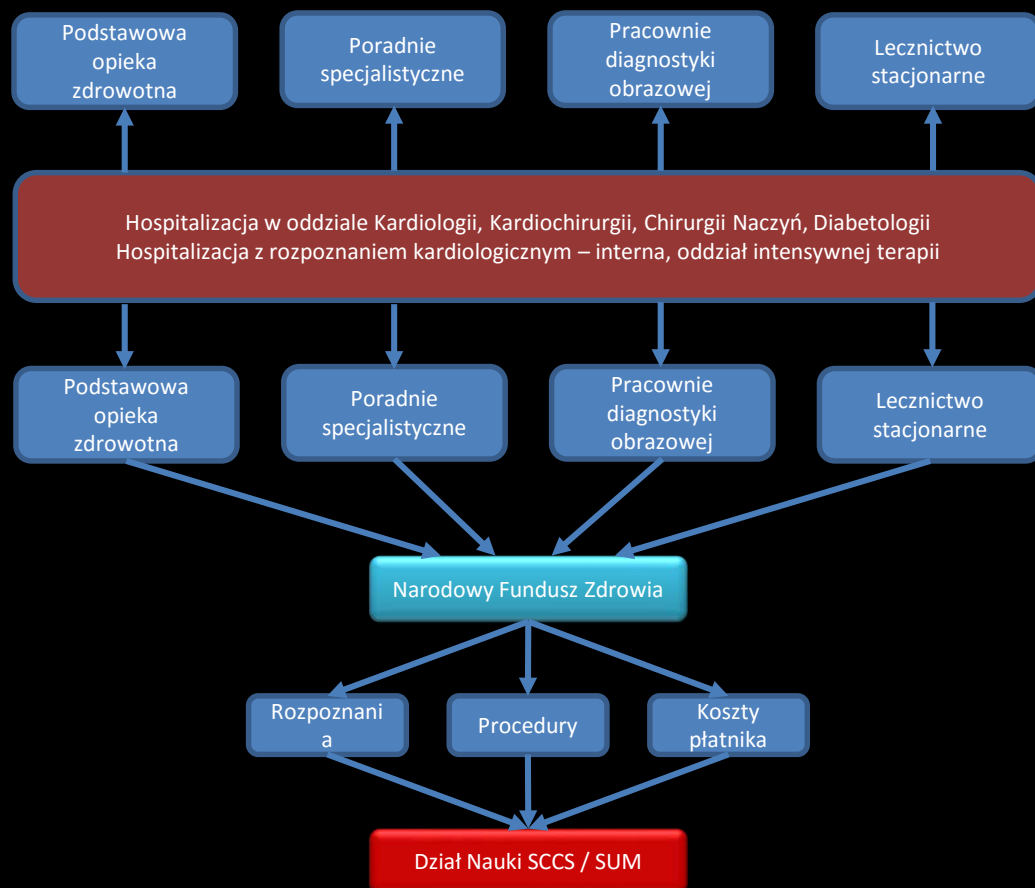
Baza 1— wszystkie hospitalizacje z powodu
zawału
mięśnia sercowego w latach 2009-2012 +
obserwacja
odległa (311.813 chorych)

Baza 2

- Wszystkie usługi medyczne u hospitalizowanych pacjentów
 - Leczenie wewnątrzszpitalne
 - Leczenie ambulatoryjne
 - Rehabilitacja
- Śmiertelność całkowita
- Koszty usług medycznych

Baza 3 - dane dotyczące zwolnień lekarskich oraz rent

Śląska Baza Sercowo-Naczyniowa



Źródło danych – Narodowy Fundusz Zdrowia

Miejsce prowadzenia – Dział Nauki SCCS / Zakład Biostatystyki SUM

Liczba raportujących szpitali – 310

Liczba raportujących jednostek ambulatoryjnych – 1 863

Liczba chorych – 514 373

Liczba hospitalizacji kardiologicznych – 992887

Liczba świadczeń udzielonych ambulatoryjnie – 61 906 964



MONITEL-HF



EXTRABIOTEL-HF

Badanie rozwojowe z weryfikacją skuteczności rejestracji i transmisji u zdrowych i chorych z niewydolnością serca



Badanie RESULT

Prospektywne badanie kliniczne wykorzystujące dane z urządzeń wszczepialnych

1. Określenie, czy teletransmisja i wykorzystanie danych dostępnych z urządzeń wszczepialnych (ICD, CRT-D) zredukuje potrzebę hospitalizacji (grupa I- projekt RESULT)
2. Zaprojektowanie i zrealizowanie urządzenia opartego na biosensorach, które pozwoli nieinwazyjnie rejestrować i transmitować wybrane parametry rokownicze u chorych z niewydolnością serca leczonych ambulatoryjnie (grupa II- EXTRABIOTEL-HF)
3. Określenie czy wykorzystanie monitorowania i teletransmisji w obu grupach poprawi jakość życia chorych oraz spowoduje redukcję kosztów leczenia.

AGING POPULATION

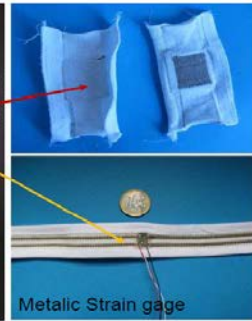
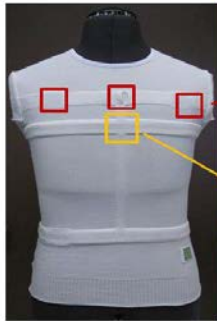


SMART TEXTILES for measuring ECG and respiration

Textile ECG electrodes (AgCl)

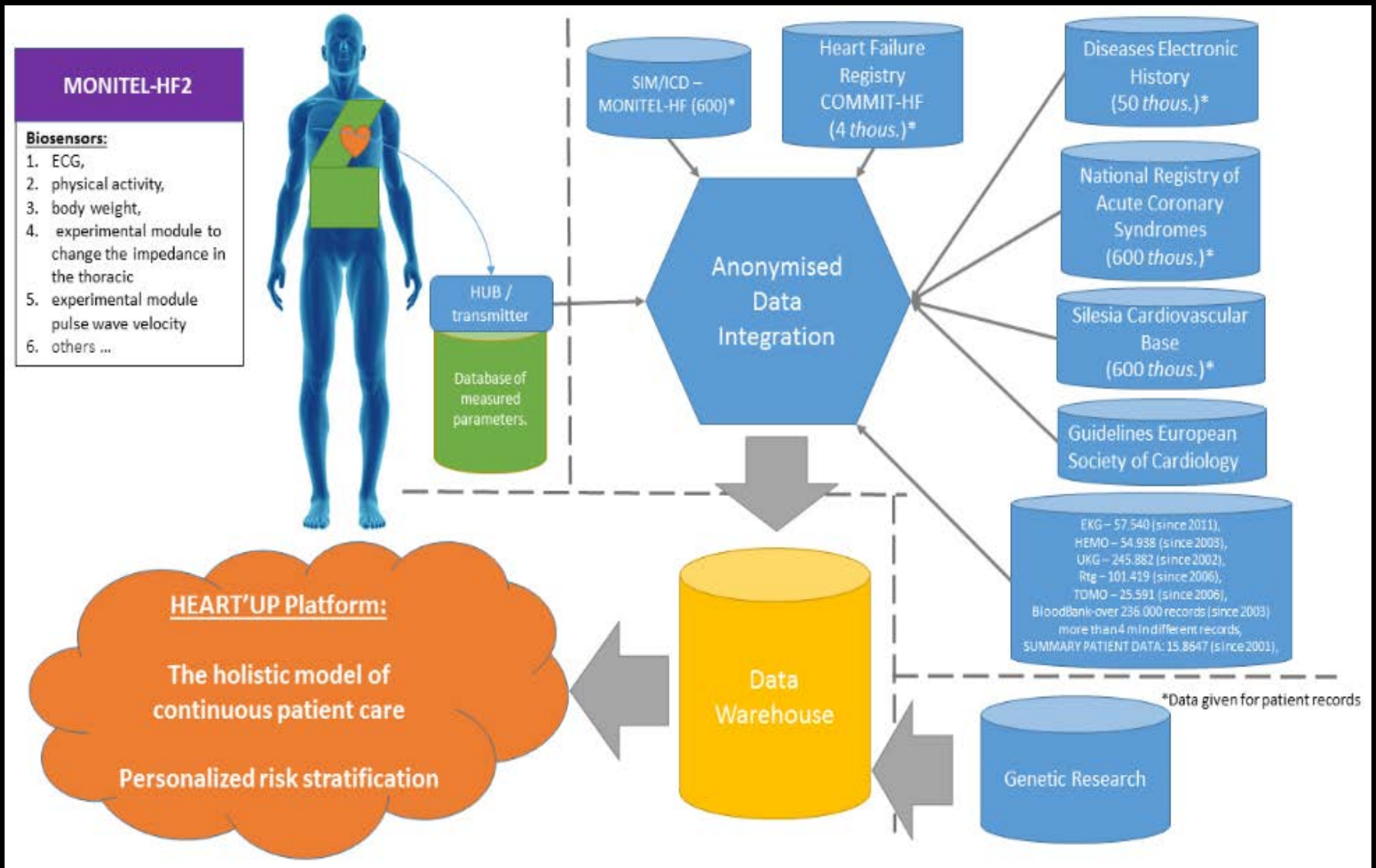


BioDevices, SA



Metalic Strain gage

Heart-Up



Genetyczne czynniki ryzyka restenozy

RESEARCH ARTICLE

The Relationships between Polymorphisms in Genes Encoding the Growth Factors TGF- β 1, PDGFB, EGF, bFGF and VEGF-A and the Restenosis Process in Patients with Stable Coronary Artery Disease Treated with Bare Metal Stent

Tadeusz Osadnik^{1,2*}, Joanna Katarzyna Strzelczyk³, Rafał Reguła¹, Kamil Bujak¹, Martyna Fronczek^{1,2}, Małgorzata Gonera¹, Marcin Gawliński¹, Jarosław Wasilewski¹, Andrzej Lekston¹, Anna Kurek¹, Marek Gierlotka¹, Przemysław Trzeciak¹, Michał Hawranek¹, Zofia Ostrowska¹, Mariusz Gąsior¹

1 Third Department of Cardiology, Silesia, Zabrze, Poland, **2** Genom, Poland, **3** Department of Medical, Medical University of Silesia, Zabrze, Poland

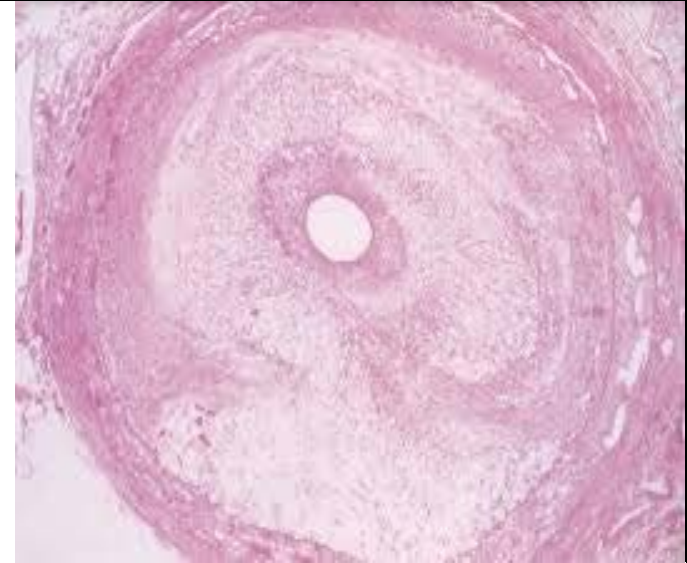
Research Article

For reprint orders, please contact: reprints@futuremedicine.com

Functional polymorphism rs710218 in the gene coding GLUT1 protein is associated with in-stent restenosis

Aim: To analyze the association between in-stent restenosis (ISR) and polymorphisms in genes coding IGF-1, IGFBP3, ITGB3 and GLUT1, which play an important role in the smooth muscle cell proliferation and extracellular matrix synthesis – the main components of neointima. **Materials & methods:** We analyzed 265 patients who

Tadeusz Osadnik^{*1}, Joanna Strzelczyk², Kamil Bujak¹, Rafał Reguła¹, Jarosław Wasilewski¹,



**Biomarkers
in Medicine**



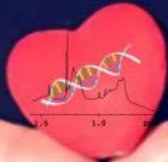
CrossMark
click for updates

OPEN ACCESS

Citation: Osadnik T, Strzelczyk JK, Reguła R, Bujak K, Fronczek M, Gonera M, et al. (2016) The

Profilowanie metaboliczne osób z klasycznymi i genetycznymi czynnikami ryzyka choroby wieńcowej

GENEPREV



**WEŹ UDZIAŁ W BEZPŁATNYCH BADANIACH –
- OCENIMY TWOJE
RYZYSKO SERCOWO-NACZYNIOWE**

Zgłoś się, jeśli spełniasz poniższe warunki:

- ✓ jesteś w wieku 30-35 lat
- ✓ nie chorujesz na żadną przewlekłą chorobę
- ✓ nie zażywasz na stałe żadnych leków ani suplementów

Jeśli chcesz otrzymać więcej informacji

zadzwoń pod numer 883 159 644

lub napisz na geneprev@sccs.pl

Kierownik projektu badawczego
dr n. med.
Tadeusz Osadnik

Aktualności

GENEPREV - zaproszenie do udziału w projekcie badawczym

2015-09-26 11:51:00

GENEPREV to projekt badawczy realizowany w Śląskim Centrum Chorób Serca w Zabrzu, którego autorem jest dr Tadeusz Osadnik. Celem badania jest określenie ryzyka wystąpienia choroby wieńcowej oraz analiza profilu metabolicznego w grupie młodych osób w ramach prewencji pierwotnej choroby wieńcowej. Program skierowany jest do potomków pacjentów u których choroba niedokrwienna serca wystąpiła przed 55 rokiem życia. Warunkiem uczestnictwa w badaniu, poza wystąpieniem przedwczesnej choroby wieńcowej u ojca lub matki, jest wiek pomiędzy 18 a 35 rokiem życia, brak schorzeń przewlekłych i nieprzyjmowanie żadnych leków.

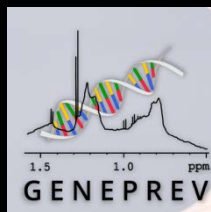
Udział w badaniu wiąże się z dwiema wizytami w Śląskim Centrum Chorób Serca w Zabrzu. Na pierwszą wizytę trzeba zgłosić się na czczo, w godzinach porannych celem pobrania krwi na badania podstawowe, genetyczne oraz w celu wypełnienia ogólnego kwestionariusza. W czasie drugiej wizyty, wykonywane jest badanie USG tętnic szyjnych, a następnie kardiolog omawia z Państwem wyniki badań i określa na ich podstawie ryzyko wystąpienia choroby wieńcowej.

Zapraszamy zainteresowanych do udziału w badaniu.

Badania są nieodpłatne. Ilość miejsc ograniczona.

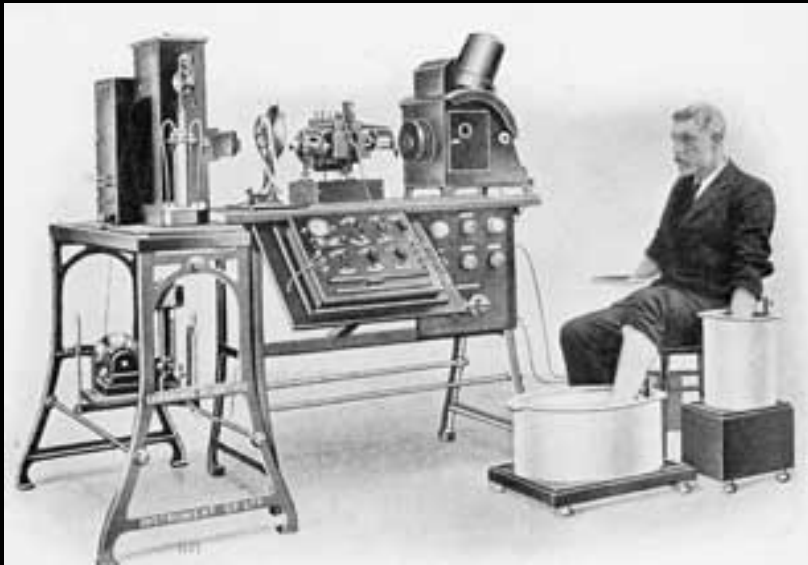
Terminy wizyt ustalane są indywidualnie. Szczegółowe informacje można uzyskać pod numerem telefonu 883 159 644 lub drogą mailową: sccs.geneprev@sccs.pl

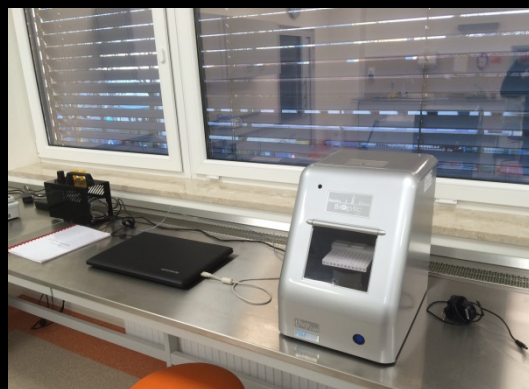
Rekrutacja trwa - zapraszamy



883 159 644

geneprev@sccs.pl





genomika@kmptm.pl

