

## COVID-19

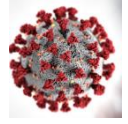
Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-coV-2) Aralık 2019 tarihinden itibaren dünya genelinde yaklaşık 30 milyon kişide tespit edilmiş ve 950 bin kişinin ölümüne sebep olmuştur. Virüsün tüm genom sekansı hastalığın takibi ve tedavi çalışmalarında büyük önem taşımaktadır.



Oxford Nanopore uzun okuma teknolojisi ile covid19 virüsünün genomu tek seferde sekanslanabilmektedir, bu da virüsün taksonomik takibi ve özellikle tek gen mutasyonlarının tespitinde büyük avantaj sağlamaktadır.

### Örnek türleri

- ✓ Kan
- ✓ Salya



### Oxford Nanopore Teknolojisi ile Dizileme

#### Kütüphane Hazırlığı

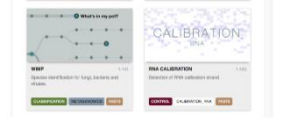


Kütüphane Hazırlığı Kitleri

#### Gerçek zamanlı dizileme ve analiz



MinION  
MinION Mk1C  
GridION X5

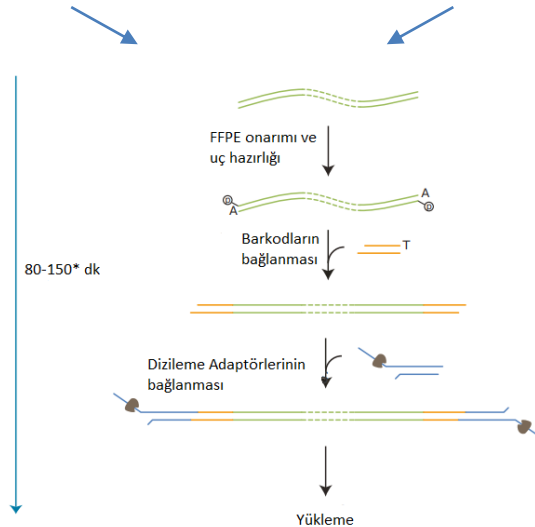


Biyoinformatik hizmeti ya da Oxford Nanopore Teknolojilerinin sağladığı biyoinformatik yazılımları

### Dizileme Kimyası ve Özellikleri

#### Shotgun tabanlı

#### Amplikon tabanlı (ARTIC) (ilave PCR adımı ile)

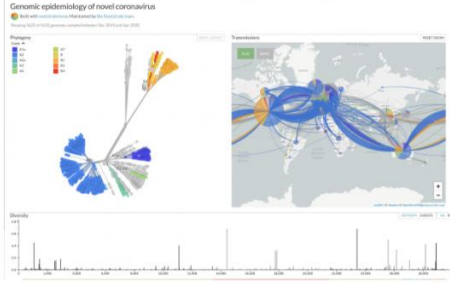


\*Deney süresi örnek sayısına göre değişiklik göstermektedir.

# Biyoinformatik Analizler

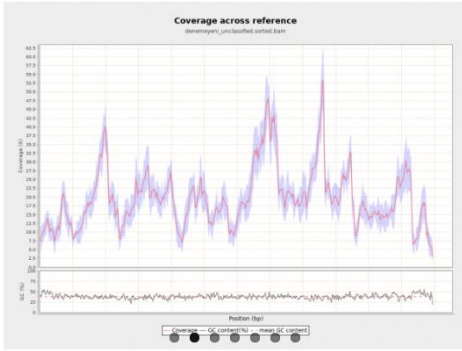
## Filogenetik analizler

nCOV19 Genome Analyzer, GISAID veritabanını kullanarak filogenetik ağaç ve yayılım şemasını otomatik olarak oluşturmaktadır.



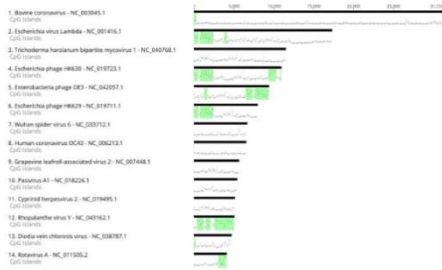
## İstatistiksel sonuçlar

nCOV19 genome analyzer ile GC oranı, genom kapsayıcılığı, derinlik histogramları gibi bilgilere ve grafiklere tek tuşla ulaşmanız mümkün.



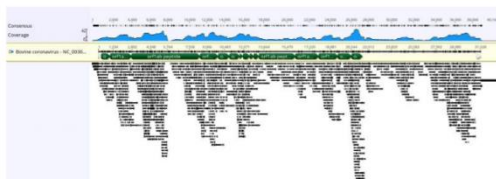
## Tür Çeşitliliği

Örnek içerisinde ki türlerin belirlenmesi, bu türlerin genomlarının ne kadarlık bir bölümünün kapsandığının belirlenmesi



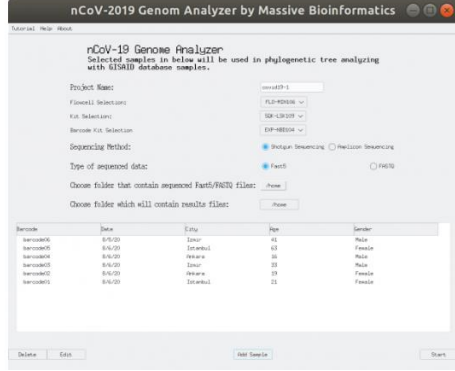
## Tüm Genom Analizleri

Metagenomik analizler sonucunda yeterince temsil edilen organizmalara yönelik tüm genom analizleri yapmak ve bu tüm genomlara yönelik karşılaştırmalı çalışmalar gerçekleştirmek mümkündür.



## nCOV19 Genome Analyzer

Covid19 genom analizi için özel olarak oluşturulan bu yazılım ile Oxford Nanopore ham verilerinden ileri aşamalı analizlere gitmek tek tuşla mümkün.



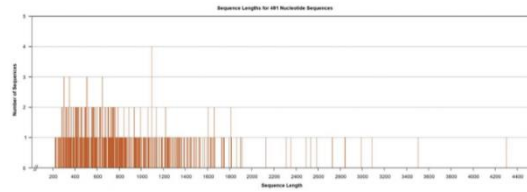
## Sonuçlar ve ileri analizler

Amplikon temelli dizileme ile yüksek derinlikte ve maliyet etkin sonuçlar alınırken, shotgun temelli dizileme ile diğer tüm mikrobiyal etkenlerin tespiti de yapılabilmektedir.

#CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	INFO	FORMAT	SAMPLE
MNS08947.3	1397	.	G	A	112.22	PASS	DP=7;AC=0,7;AM=0;		
MNS08947.3	2455	.	C	T	135.25	PASS	DP=9;AC=0,8;AM=0;		
MNS08947.3	3117	.	C	T	122.81	PASS	DP=9;AC=0,8;AM=0;		
MNS08947.3	3787	.	C	T	258.76	PASS	DP=14;AC=0,14;AM=1;		
MNS08947.3	4084	.	C	T	260.44	PASS	DP=15;AC=0,15;AM=1;		
MNS08947.3	11083	.	G	T	50.06	PASS	DP=15;AC=0,7;AM=1;		
MNS08947.3	13476	.	C	T	91.73	PASS	DP=12;AC=3,8;AM=1;		
MNS08947.3	21875	.	AT	A	62.37	PASS	DP=15;AC=4,9;AM=2;		
MNS08947.3	28109	.	G	T	438.02	PASS	DP=22;AC=0,22;AM=1;		
MNS08947.3	28688	.	T	C	131.83	PASS	DP=9;AC=0,8;AM=0;		
MNS08947.3	29742	.	G	T	42.52	PASS	DP=6;AC=0,4;AM=2;		

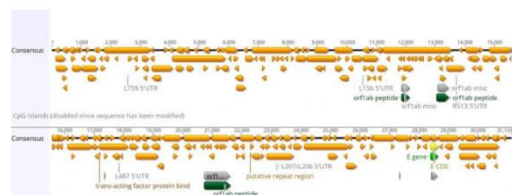
## Uzun Okumalar

DNA kalitesine bağlı olarak, 200 kb'a kadar uzun okumalar yapmak mümkün. Çok fazla genetik materyalin olduğu karışık örneklerde yüksek doğruluk ve güvenilir sonuçlar için daha uzun okumalar oldukça önem arz etmektedir.



## Fonksiyonel Analizler

Elde edilen sonuçlar özelleştirilmiş veritabanları ve gelişmiş arama algoritmaları ile kullanılarak, genlere ait fonksiyonel bilgilere ulaşmak mümkündür.



## OXFORD NANOPORE TEKNOLOJİLERİ İLE HİZMET ALIM KOŞULLARI

### Covid-19 Amplikon Dizileme için Numune Kriterleri

- cDNA kabul edilmektedir.  
(Oxford Nanopore için optimize edilmiş ters transkripsiyon kiti verilecektir)
- cDNA -20°C saklama koşulu ile gönderilmelidir.
  - Ct değeri 27 ve altı olmalıdır.
  - Jel konfirmasyonu gerekmektedir.



### Covid-19 Shotgun Dizileme için Numune Kriterleri

- cDNA kabul edilmektedir.
- cDNA konsantrasyonu 1000 ng ve üstü, en az 15 µl hacimde olmalıdır.
  - Ct değeri 20 ve altı olmalıdır.
  - 260/280 değeri 1.7-1.9 arasında olmalıdır.
  - Jel konfirmasyonu gerekmektedir.