

METAGENOMİK ANALİZLER

Metagenomik analiz ile bir numune içerisinde bulunan mikroorganizmaların çeşitliliğini ve miktarlarını belirlemek mümkündür. Prokaryotik ve ökaryotik organizmalarda bulunan rRNA genleri filogenetik analizi mümkün kılan evrimsel belirteçler görevi üstlenmektedir (16S, 18S, ITS vb.). Yeni nesil dizileme metodlarının gelişmesi metagenomik analizlerinin önünü açmış, fakat sistemlerin kısa okumaya uyumlu olması hatalı sonuçlar üretilmesine sebep olmuştur. Oxford Nanopore uzun okuma teknolojisi ile örneğin 1500-2000 bp uzunluğundaki belirteç genlerin tümü okunarak, türlerin ayırımına yönelik çözünürlüğü arttırmış ve bu alanda yeni bir sayfa açmıştır.



Örnek türleri

- ✓ İnsan ve hayvan dışkıları
- ✓ Toprak çamur gibi çevresel örnekler
- ✓ Gıda örnekleri
- ✓ Vücut Sıvıları
- ✓ Doku ve yüzey örnekleri
- ✓ Endüstriyel örnekler



Oxford Nanopore Teknolojisi ile Dizileme

Kütüphane Hazırlığı

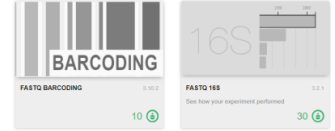


Kütüphane
Hazırlığı Kitleri

Gerçek zamanlı dizileme ve analiz

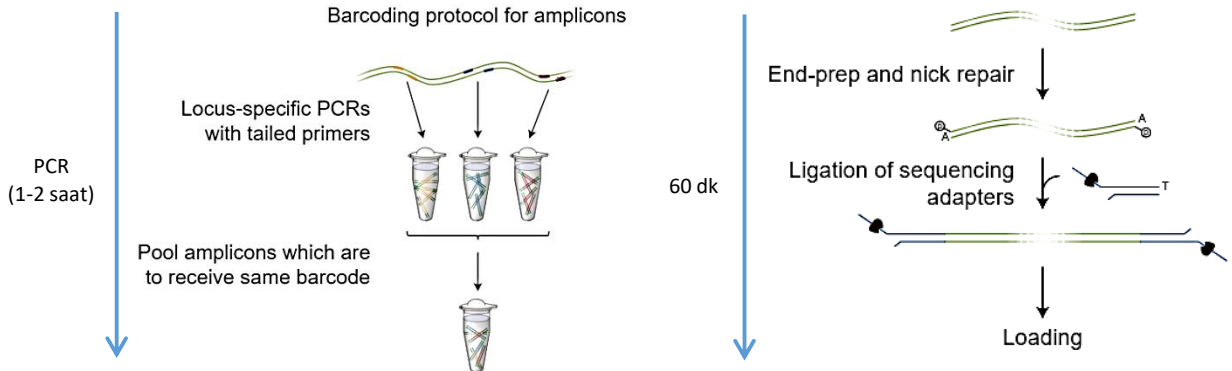


MinION
MinION Mk1C
GridION X5



Biyoinformatik hizmeti
ya da
Oxford Nanopore
Teknolojilerinin sağladığı
biyoinformatik yazılımları

Dizileme Kimyası ve Özellikleri

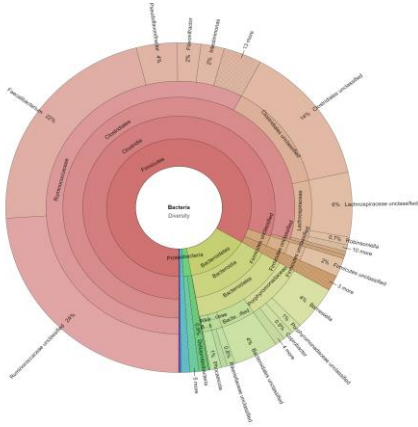


Metagenomik Analizler

Metagenomik analizler çok farklı örnek tipini, veya bir örneğin bileşenlerini detaylı incelemek için oldukça fazla sayıda olarak sağlamaktadır. Aşağıda hizmet sağladığımız analiz çeşitleri yer almaktadır.

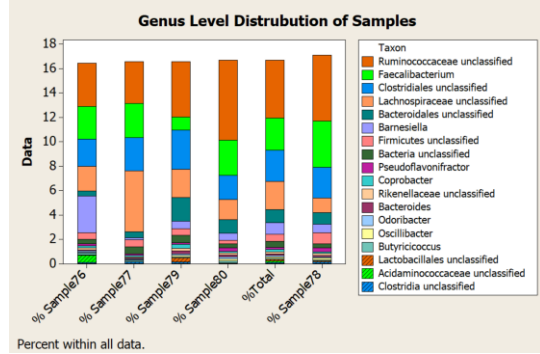
Tür Çeşitliliği ve Miktar Analizi

Örnek içerisinde ki tür dağılımlarının kantitatif olarak belirlenmesi ve gösterilmesi



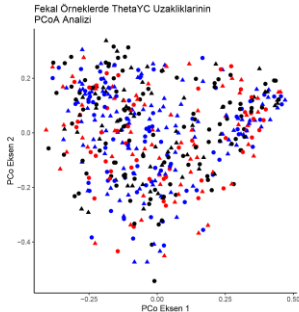
Karşılaştırmalı Taksonomik Analizler

Farklı örnekler için komünite içeriğinin kalitatif ve kantitatif olarak karşılaştırılarak, komünite değişimlerinin belirlenmesi, spesifik grupların değişimlerinin gözlemlenmesi



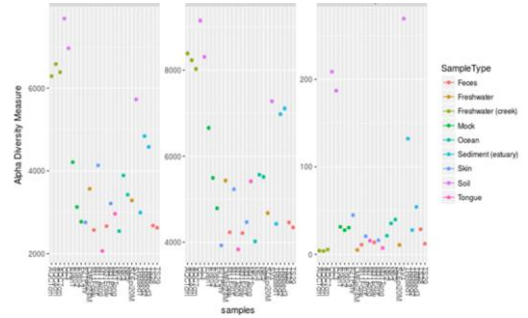
PCoA Analizleri

Örnekler arasındaki komünite benzerliklerinin, diğer parametreler ile birlikte temel koordinat analizinin gerçekleştirilmesi



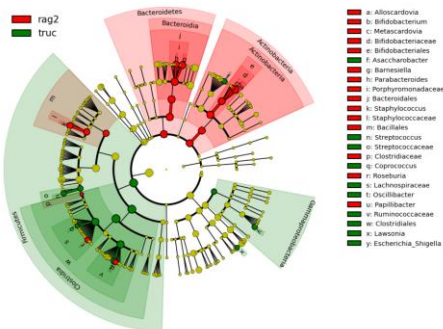
Alfa Çeşitlilik

Örneklerin kendi içerisinde taksonomik çeşitliliğinin ve zenginliğinin nasıl dağıldığı



Biomarker Analizi

Linear diskriminant analizi (LDA) ve Linear diskriminant analizinin etki büyüklüğü (Lefse) analizleri ile örnekler arasında sayıca değişim gösteren taksonların değişime olan katkılarına göre belirlenmesi



Beta Çeşitlilik

Taksonomik çeşitliliğin farklı örnekler arasında nasıl dağıldığının gösterilmesi

