

VİRAL METAGENOMİK

Shotgun metagenomik analizi ile bir örnek içerisinde bulunan tüm nükleik asit bilgisine ulaşmak mümkündür. Bu yöntem ile elde edilen toplam genomik materyalin tamamı dizilenir ve sonrasında hedef organizma gruplarına veya genlere yönelik veritabanları ile istenilen bilgilere ulaşılır. Korunmuş bölgelere sahip olmayan virüs gibi organizmalara yönelik yapılacak metagenomik analizlerde shotgun dizileme yöntemleri öne çıkmaktadır.

- ❖ Uzun okuma ile daha doğru sonuçlar
- ❖ Ortamda bulunan tüm genler
- ❖ Metagenomik verilerden tüm genom oluşturma
- ❖ Viral metagenomik

Örnek türleri

- ✓ İnsan
- ✓ Hayvan
- ✓ Çevre
- ✓ Gıda
- ✓ Endüstri



Oxford Nanopore Teknolojisi ile Dizileme

Kütüphane Hazırlığı

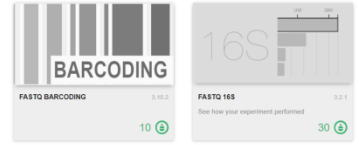
Kütüphane
Hazırlığı Kitleri
ya da
VolTRAX v2



Gerçek zamanlı dizileme ve analiz

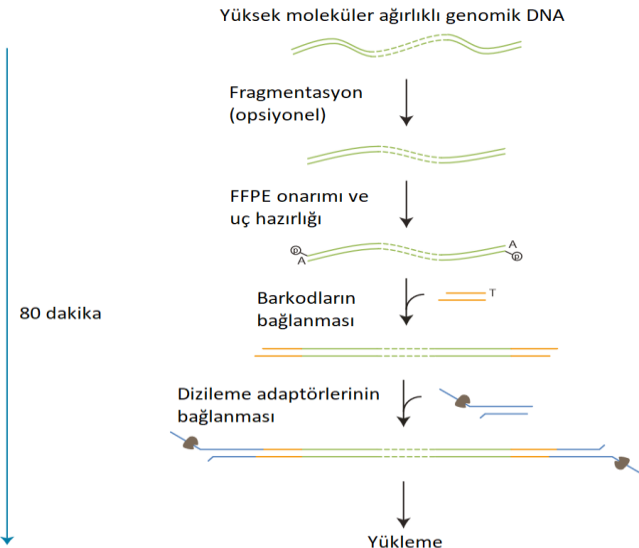


MinION
MinION Mk1C
GridION X5



Biyoinformatik hizmeti
ya da
Oxford Nanopore
Teknolojilerinin sağladığı
biyoinformatik yazılımları

Dizileme Kimyası ve Özellikleri

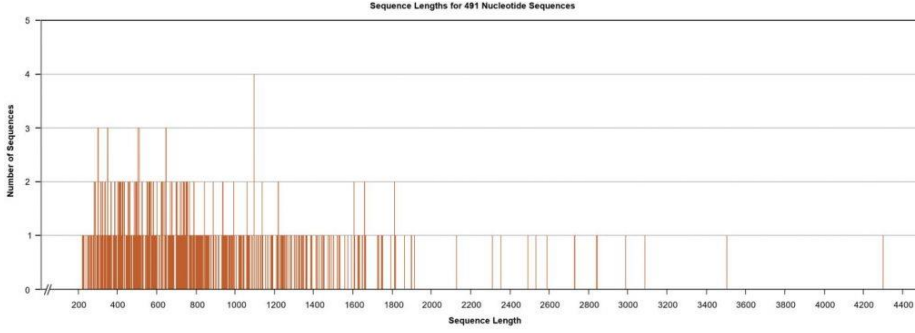


Hazırlama süresi	80 dk
Gerekli DNA miktarı	1000 ng gDNA
Çoklu çalışma	1-3 örnek
Okuma uzunluğu	Tüm fragman boyları
Sekanslama süresi*	0-48 saat *İstenilen veri miktarına göre değişmektedir.

VİRAL METAGENOMİK

Shotgun Metagenomik analizler

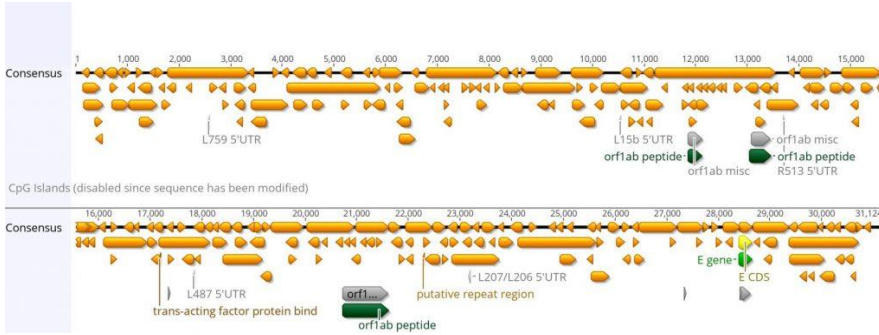
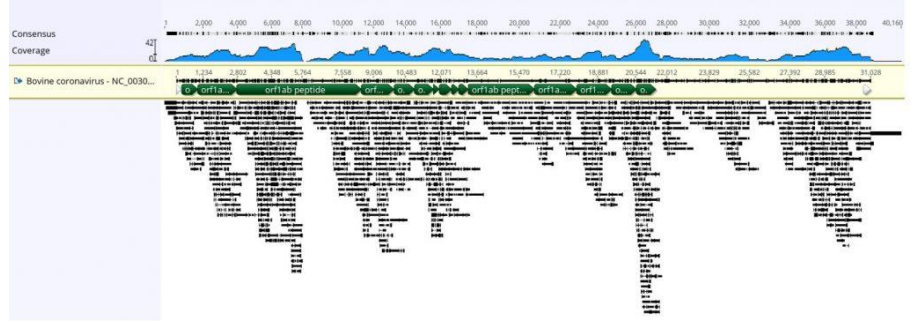
Shotgun metagenomik analizler çok farklı örnek tipini, veya bir örneğin bileşenlerini detaylı incelemek için oldukça fazla sayıda olarak sağlamaktadır. Aşağıda viral metagenomik için hizmet sağladığımız analiz çeşitleri yer almaktadır.



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.

Tüm Genom Analizleri
Metagenomik analizler sonucunda yeterince temsil edilen organizmalara yönelik tüm genom analizlerinin yapılması ve bu tüm genomlara yönelik karşılaştırmalı çalışmaların gerçekleştirilmesi



Fonksiyonel Analizler
Elde edilen sonuçlar özelleştirilmiş veritabanları ve gelişmiş arama algoritmaları ile kullanılarak, genlere ait fonksiyonel bilgilere ulaşılması

Tür Çeşitliliği
Örnek içerisinde ki türlerin belirlenmesi, bu türlerin genomlarının ne kadarlık bir bölümünün kapsadığının belirlenmesi

1. Bovine coronavirus - NC_003045.1
CpG Islands
2. Escherichia virus Lambda - NC_001416.1
CpG Islands
3. Trichoderma harzianum bipartite mycovirus 1 - NC_040768.1
CpG Islands
4. Escherichia phage HK630 - NC_019723.1
CpG Islands
5. Enterobacteria phage DE3 - NC_042057.1
CpG Islands
6. Escherichia phage HK629 - NC_019711.1
CpG Islands
7. Wuhan spider virus 6 - NC_033712.1
CpG Islands
8. Human coronavirus OC43 - NC_006213.1
CpG Islands
9. Grapevine leafroll-associated virus 2 - NC_007448.1
CpG Islands
10. Pasivirus A1 - NC_018226.1
CpG Islands
11. Cyprinid herpesvirus 2 - NC_019495.1
CpG Islands
12. Rhopalanthus virus Y - NC_043162.1
CpG Islands
13. Diodia vein chlorosis virus - NC_038787.1
CpG Islands
14. Rotavirus A - NC_011505.2
CpG Islands

