

Hayvan ve Bitki Tüm Genom Dizilemeye Bakış

Hayvanların ve bitkilerin tüm genomlarını dizilemede yaygın olarak kullanılan tek nükleotid polimorfizmleri (SNP'ler), insersiyon ve delesyon (indel), yapısal varyasyonlar (SV'ler) ve kopya sayısı varyasyonları (CNV'ler) dahil olmak üzere genomik varyasyon bilgilerinin tek ve uygun maliyetli bir tahlilde tanımlanmasına izin verir.



Kuzey Biyoteknoloji, ultra hızlı geri dönüş süresi, yüksek kaliteli dizileme verileri ve güvenilir sonuçlar ile hayvan ve bitki tüm genom dizileme hizmetleri sunar. Hayvan ve bitki tüm genom dizileme, populasyon genetiği araştırmaları, genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS) ve tarımsal ıslah programları dahil olmak üzere çeşitli alanlarda çalışmalar yürütmektedir.

Hayvan/Bitki Özellikleri: DNA örneği gereksinimleri

Platform Tipi	Örnek Tipi	Miktar (Qubit®)	Saflık
Illumina NovaSeq 6000	Genomik DNA (PCR içermeyen, 350 bp olmayan)	$\geq 5 \mu\text{g}$	A260/280=1.8-2.0;degradasyon yok. Kontaminasyon yok
	Genomik DNA (PCR içermeyen, 350 bp)	$\geq 1.2 \mu\text{g}$	
PacBio Sequel II DNA CLR library	Yüksek Moleküler Ağırlıklı Genomik DNA	$\geq 8 \mu\text{g}$	A260/280=1.8-2.0; A260/230=1.5-2.6; *NC/QC=0.95-3.00; Fragman uzunluğu $\geq 40 \text{ kb}$ olmalıdır.
PacBio sequel II/Ile DNA HiFi library	Yüksek Moleküler Ağırlıklı Genomik DNA	$\geq 15 \mu\text{g}$	A260/280=1.8-2.0; A260/230=1.5-2.6; *NC/QC=0.95-3.00 Fragman uzunluğu $\geq 30 \text{ kb}$ olmalıdır.
Nanopore PromethION	Yüksek Moleküler Ağırlıklı Genomik DNA	$\geq 8 \mu\text{g}$	A260/280=1.82.0; A260/230=1.5-2.6; Fragman uzunluğu $\geq 30 \text{ kb}$ olmalıdır.

***NC/QC: NanoDrop konsantrasyonu/Qubit konsantrasyonu**

Hayvan/Bitki Tüm Genom Dizileme Özellikleri: Dizileme ve Analiz

Platform Tipi	Illumina NovaSeq 6000	PacBio Sequel II/IIe	Nanopore PromethION
Okuma Uzunluğu	Paired-end 150 bp	> 15 kb (Ortalama)	> 17 kb (Ortalama)
Önerilen Dizileme Derinliği	SNP/InDel tespiti için : $\geq 10\times$	Genetik hastalıklar için: 10-20 $\times$	Genetik hastalıklar için: 10-20 $\times$
	SV/CNV tespiti için : $\geq 20\times$	SV tespiti için : $\geq 20\times$	
Analiz İçeriği	Standart Analiz - Veri kalite kontrolü - Dizileme hata oranı - Adaptör içeren veya düşük kaliteli okumaları filtreleme - Referans genom ile hizalama - Haritalama, dizileme derinliği ve kapsama istatistikleri - SNP tespiti, açıklama ve istatistikler Gelişmiş Analiz - SV, ek açıklama ve istatistikler - CNV araması, açıklama ve istatistikler	Standart Analiz - Veri kalite kontrolü - Dizileme hizalaması - Yapısal Varyant (SV) algılama	

Kuzey Biyoteknoloji Hayvan/Bitki Tüm Genom Dizileme Hizmetlerinin Proje İş Akışı

