

# Kodlanmayan RNA Dizileme

Uzun kodlama yapmayan RNA'lar (lncRNA'lar), lincRNA'lar (intergenik lncRNA'lar), ökaryotik transkriptomda hatırı sayılır bolluktedir. lncRNA'lar, gen transkripsiyonunun düzenlenmesi, transkripsiyon sonrası modifikasyonlar ve epigenetik yoluyla çoklu hücrel fonksiyonları etkiler. lncRNA dizileme (lncRNA-seq), çeşitli biyolojik süreçlerde, kanser ve nörolojik bozukluklar gibi insan hastalıklarında fonksiyonel rolleri incelemek için güçlü bir alandır.

Küçük kodlanmayan RNA'lar (sRNA'lar; miRNA, siRNA, snRNA gibi) gen susturma ve gen ekspresyonunun transkripsiyon sonrası düzenlenmesi ile ilgili, genellikle kodlama yapmayan kısa RNA molekülleridir. sRNA dizileme (sRNA-seq), bu RNA'ların derinlemesine araştırılmasını sağlayan bir yaklaşımdır.



***Kuzey Biyoteknoloji'nin lncRNA dizileme hizmetinin aşamalı kütüphane hazırlığı, hem kodlama yapan hem de kodlama yapmayan transkriptler için son derece hassas bir transkriptomik perspektiften bilgi zenginleştirme ve gen ekspresyonu profileme sağlar. Biyoinformatik araçların kullanımı, lncRNA ile hedeflenen mRNA arasındaki zincir oryantasyonu ve düzenleyici ilişki, tek bir çalışmada araştırılabilir.***

***Kuzey Biyoteknoloji'nin sRNA dizileme hizmeti, tümü tek bir analizde, benzeri görülmemiş hassasiyet ve yüksek çözünürlükle herhangi bir sRNA türünü seçici olarak hedeflemek için etkili bir yaklaşımdır. Sağlam bir biyoinformatik pipeline ile birleştiğinde, Kuzey Biyoteknoloji, sRNA dizileme hizmeti, araştırmacılara miRNA'ların diferansiyel ifadesini, yapısal değişiklikleri tanımlamaları ve yeni sRNA'ları keşfetmeleri için yardımcı olmaktadır.***

## lncRNA ve sRNA örneklerin gereksinimleri

Kütüphane Tipi	Örnek Tipi	Miktar	RNA Integrity Number (Agilent 2100)	Safılık (NanoDrop)
lncRNA kütüphanesi	Total RNA	≥ 500 ng	Hayvan ≥ 6.5, Bitki ≥ 6	A260/280 = 1.8-2.2 A260/230 ≥ 1.8
Ekzomal lncRNA kütüphanesi	Ekzomal RNA	≥ 5 ng	25-200 nt arası peak FU > 10, peak olmadan > 2000 nt	A260/280 = 1.8-2.2 A260/230 ≥ 1.8
İkili RNA kütüphanesi	Total RNA	≥ 1 µg	≥ 6.5,	A260/280 = 1.8-2.2 A260/230 ≥ 1.8
Küçük RNA kütüphanesi	Total RNA	≥ 2 µg	Hayvan ≥ 7.5, Bitki ≥ 7,	A260/280 = 1.8-2.2 A260/230 ≥ 1.8
Ekzomal küçük RNA kütüphanesi	Ekzomal RNA	≥ 10 ng	25-200 nt arası peak , FU > 10, peak olmadan > 2000 nt	A260/280 = 1.8-2.2 A260/230 ≥ 1.8

## Dizileme ve Analiz

Dizileme Platformu	Illumina NovaSeq 6000
	<b>sRNA'lar</b>
	Tek yönlü 50 bp
Okuma uzunluğu	
Önerilen okuma derinliği	Örnek başına $\geq 10$ milyon okuma çifti
Standart analiz (miRNA)	Veri Kalite Kontrolü Uzunluk Dağılımı Özeti Ortak ve Spesifik Dizileme Özeti miRNA'ların Tanımlanması ve Karakterizasyonu miRNA'nın Sınıflandırılması ve Açıklaması Nicel ve Diferansiyel İfade Analizi Fonksiyonel Zenginleştirme Analizi
	<b>lncRNA'lar</b>
	Örnek Başına $\geq 40$ milyon okuma çifti
Önerilen veri çıktısı	
Önerilen okuma derinliği	Referans genomlu türler için örnek başına $\geq 40$ milyon okuma çifti
Standard veri analizi	Veri Kalite Kontrolü Yapısal Analiz (Alternatif Ekleme ve Varyasyon Çağrısı) lncRNA Tanımlama ve Açıklama Nicel ve Diferansiyel İfade Profili Oluşturma Fonksiyonel Zenginleştirme Analizi Protein-Protein Etkileşimi (PPI) Analizi lncRNA Hedef Gen Tahmini