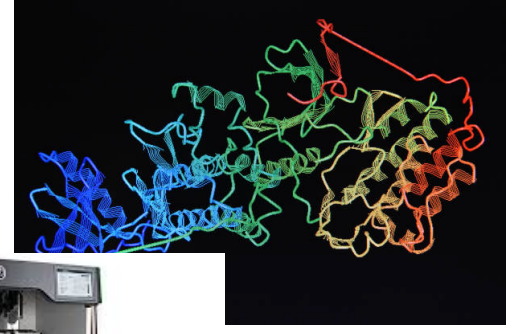


İzoform Dizileme

PacBio SMRT (Single Molecule, Real-Time) teknolojisini kullanan İzoform Dizileme (Iso-seq), hedeflenen genler içinde tam uzunluktaki transkript izoformlarının (5'UTR'den 3'poli-A kuyruğuna kadar) dizilenmesini sağlar. Iso-seq, füzyon genlerini karakterize etmek, alternatif eklemeleri tanımlamak, genomları açıklamak ve yeni transkriptleri keşfetmek için yüksek verimlilikte bir yöntemdir.



İso-Seq Örneğinin Gereksinimleri

Kütüphane Tipi	Örnek Tipi	Miktar	Konsantrasyon	RIN (Agilent 2100)	Saflık (Nanodrop TM/Agaroz jel)
PacBio sequel II/IIe RNA Kütüphanesi	Total RNA	≥ 600 ng	≥ 40 ng/μL	≥ 6.5	A260/280= 1.8-2.2; A260/230= 1.3-2.5; *NC/QC≤2

*NC/QC: NanoDrop konsantrasyonu/Qubit konsantrasyonu.

	örnek başına ≥ 15 G baz
Analiz içeriği	<ul style="list-style-type: none">Veri Kalite KontrolüTranskriptom Analizi<ul style="list-style-type: none">İzoform KarakterizasyonuYapısal KategoriUzunluk DağılımıTranskriptom ÇeşitliliğiFonksiyon BelirlemesiYapı AnaliziTranskripsiyon Faktörü analizi <p>lncRNA tahmini*</p> <p>Füzyon Transkript analizi*</p> <p>Alternatif Ekleme analizi*</p> <p>Alternatif PoliAdenilasyon analizi*</p>

*Yalnızca referans genom mevcut olduğunda kullanılabilir.