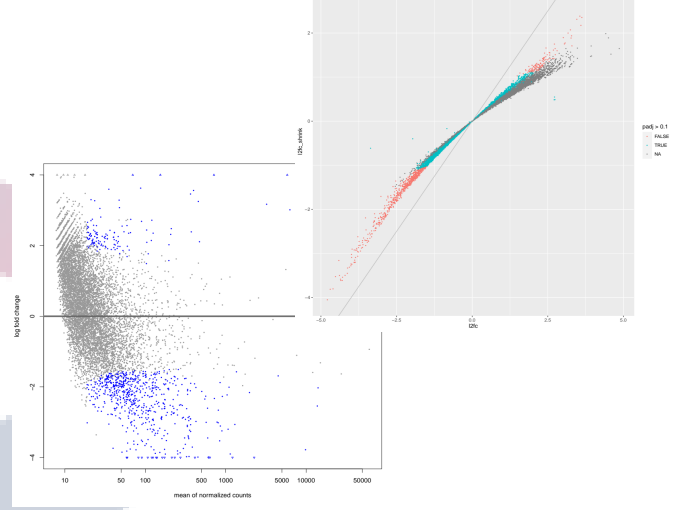


Transkriptom Dizileme

Transkriptom Dizileme, poliadenile olup olmadıklarına bakılmaksızın, belirli bir organizmanın tüm RNA transkriptlerinin (kodlayan ve kodlamayan RNA'lar) karakterizasyonuna izin verir. Tüm transkriptom dizileme, hem diferansiyel ifade analizine hem de yeni genlerin keşfine olanak sağlamaktadır



Kuzey Biyoteknoloji transkriptom dizileme hizmeti, mRNA ve kodlanmayan RNA'lar (lncRNA, sRNA ve circRNA) dahil olmak üzere tüm RNA transkriptlerinin dizilenmesini aynı zamanda derinlemesine biyoinformatik analiz hizmetini de kapsamaktadır. Çift yönlü (paired-end) dizileme yaklaşımını kullanarak, gen ve transkript seviyelerini kesin olarak ölçebilir ve buna ek olarak transkriptomun yeni özelliklerini tanımlayabiliriz. Bu yaklaşımımız sayesinde, potansiyel transkripsiyonel ve düzenleyici ağ mekanizmalarını araştırabilir, kapsamlı bir transkriptomik perspektiften etkileşim fonksiyonlarına ilişkin temel bilgiler sağlayabilmekteyiz.

RNA Örneğinin Gereksinimleri

Örnek Tipi	Miktar (Qubit®)	RNA Integrity Number (Agilent 2100)	Safılık
Total RNA	≥ 2.5-4.5 µg	≥ 7-7.5	A260/280 = 1.8-2.2; A260/230 ≥ 1.8;

Dizileme ve Analiz

Dizileme Platformu	Illumina NovaSeq 6000 Dizileme Sistemi	• Illumina Miseq Dizileme Sistemi
Okuma Uzunluğu	Paired-end 150bp	Paired-end 150-300bp
Önerilen veri boyutu	Her örnek içi ≥ 40 milyon okuma	Her örnek içi ≥ 10 milyon okuma
Veri analiz içeriği	lncRNA - miRNA, mRNA - miRNA, circRNA - miRNA, lncRNA-miRNA-mRNA ve circRNA-miRNA-mRNA arasında network analizi	