

Long-read Human Whole Genome Resequencing

Structural Variants (ελλείψεις, προσθήκες, αναστροφές) αποτελούν την πιο συνηθισμένη μορφή διαφοροποίησης βάσεων σε επίπεδο γονιδιώματος.

Το Long Read sequencing βελτιώνει την απόδοση ανίχνευσης structural variants σχηματίζοντας βιβλιοθήκες μεγάλων αποσπασμάτων.

Νέες Τεχνολογίες



- Long Reads έως 100kb μπορούν αλληλουχηθούν με μία επανάληψη δίχως ενίσχυση PCR
- Μεγαλύτερη ακρίβεια, αξιοπιστία και ευκρίνεια στον προσδιορισμό Structural Variants

Διάγραμμα Ροής



Βιοπληροφορικές αναλύσεις δεδομένων

- Data filtering: filter the low quality reads
- Data alignment: long reads were aligned to the human reference sequences by alignment software
- Data statistics: statistical sequencing depth and coverage
- SNP calling and annotation
- InDel calling and annotation
- SV calling and annotation
- CNV calling and annotation



Γιαννιτσών 31, 546 27, Θεσσαλονίκη

Τηλ: +30 231 220 7188

bdinfo@bd-inventions.com

www.bd-inventions.com