

NAŠE ŘEŠENÍ PRO NGS ANALÝZU MIKROBIOMU: Máme vše kromě samotných mikrobů!

HOMOGENIZACE VZORKŮ

homogenizátory Revvity OMNI, např. Bead Ruptor Elite



IZOLACE NUKLEOVÝCH KYSELIN

- kolonkové kity, např. Macherey-Nagel NucleoSpin Soil kit – vítěz porovnání izolačních kitů: www.nature.com/articles/s41598-024-59086-4
- kity na principu magnetických kuliček, např. kity Macherey-Nagel NucleoMag automatizovatelné na přístrojích typu KingFisher nebo kity Revvity chemagic™ automatizovatelné na izolátoru chemagic 360



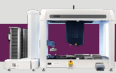
KONTROLA KVALITY NUKLEOVÝCH KYSELIN

multifunkční destičkové readery Revvity, např. Victor Nivo



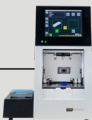
PŘÍPRAVA NGS KNIHOVEN

kity pro přípravu knihoven Revvity NEXTFLEX™ automatizovatelné na robotických pipetovacích stanicích Revvity: Sciclone™ či Zephyr™



KONTROLA KVALITY NGS KNIHOVEN

kapilární elektroforéza na čipu na přístroji Revvity Labchip™ GX Touch



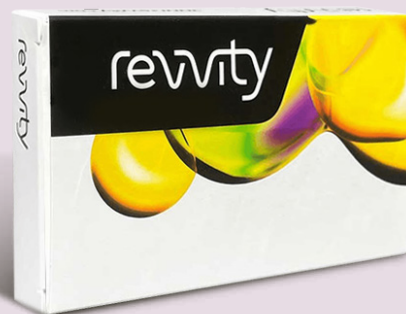
SEKVENOVÁNÍ

- revoluční sekvenační platforma AVITI od Element Biosciences (USA) poskytující bezprecedentní kvalitu čtení
- naše řešení je však kompatibilní i s platformami Illumina



ANALÝZA A INTERPRETACE DAT

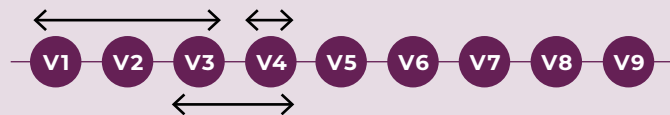
taxonomické a funkční profilování 16S pomocí CosmosID-HUB®



Cílené regiony pokrývané kity NEXTFLEX™ 16S rRNA

Společnost Revvity nyní přináší flexibilitu do vašich projektů profilování mikrobiálních komunit díky třem kitům pro přípravu knihoven 16S, z nichž každý pokrývá různé oblasti genu 16S rRNA.

- Robustní, rychlý a snadný protokol přípravy knihovny
- Nízké vstupní množství - pouze 1 ng vstupního materiálu
- Multiplexování až 384 knihoven
- samostatně či v balíčku společně s analýzou dat na CosmosID-HUB®



NEXTFLEX 16S V1-V3 AMPLICON-SEQ KIT
NEXTFLEX 16S V4 AMPLICON-SEQ KIT 2.0
NEXTFLEX 16S V3-V4 AMPLICON-SEQ KIT



- Vyhodnocení a interpretace získaných dat bez potřeby pokročilých bioinformatických znalostí
- Algoritmus pro rozlišení signálu od šumu, generování ASV s vyšším rozlišením - DADA2
- Zlatý standard mezi databázemi ampliconů - SILVA
- MetaCyc Pathways & Enzyme Predictions - PICRUST2
- Vyhledávání konkrétních taxonů nebo genů pomocí maticové tabulky
- Export plně přizpůsobitelných heatmap a sloupcových grafů
- Výpočet distribuce abundance konkrétních taxonů, genů nebo drah s testováním významnosti
- Pozorování shlukování kohort pomocí grafů PCA a PCoA ve 2D nebo 3D
- Výpočet Chao1, Simpsonovy nebo Shannonovy diverzity a poté otestování významnosti mezi až 24 kohortami najednou
- Analýza LEfSe a vyhledání významnosti zastoupených taxonů, genů nebo drah

VYZKOUŠEJTE
SOFTWARE
NA 14 DNÍ ZDARMA:
www.cosmosidhub.com



Ver.02_09/2024



DYNEX – autorizovaný distributor
Macherey-Nagel, Element Biosciences a Revvity
Lidická 977, 273 43 Buštěhrad
Tel.: +420 220 303 600, email: office@dynex.cz
www.dynex.cz

