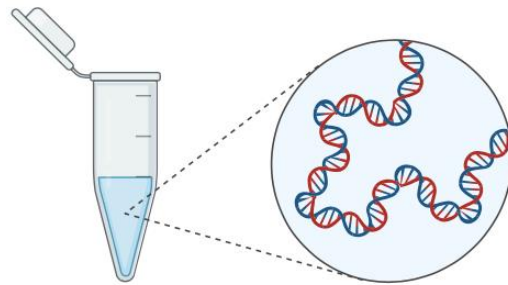


# Bioinformatyczna analiza danych NGS

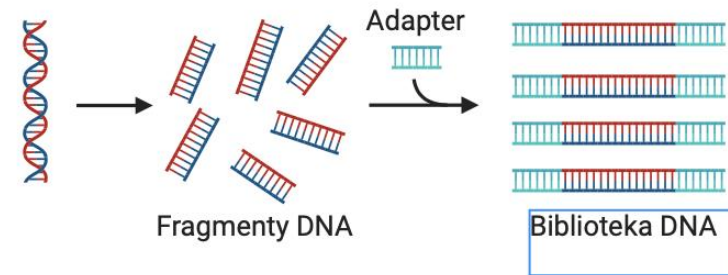
Wprowadzenie

# Workflow NGS

## Krok 1: Ekstrakcja DNA

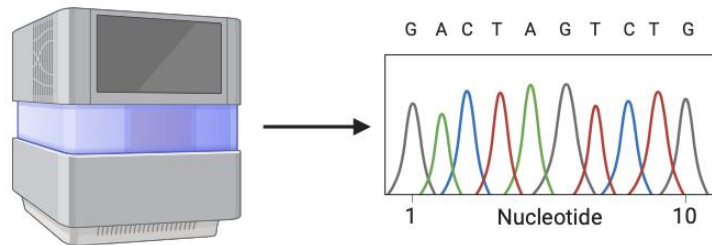


## Krok 2: Przygotowanie bibliotek

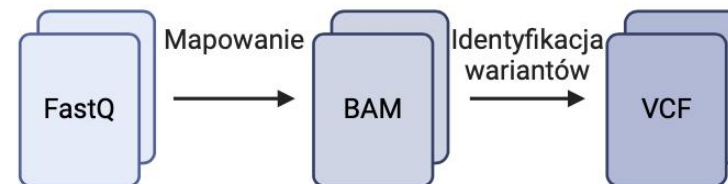


## Sekwencjonowanie Następnej Generacji

## Krok 3: Sekwencjonowanie



## Krok 4: Analiza



# Platformy do sekwencjonowania NGS

illumina



ISeq™ 100



MiniSeq™



MiSeq™



NextSeq™ 550



NextSeq™  
1000/2000



NovaSeq™ 6000



NovaSeq™ X/X Plus



iScan™ System

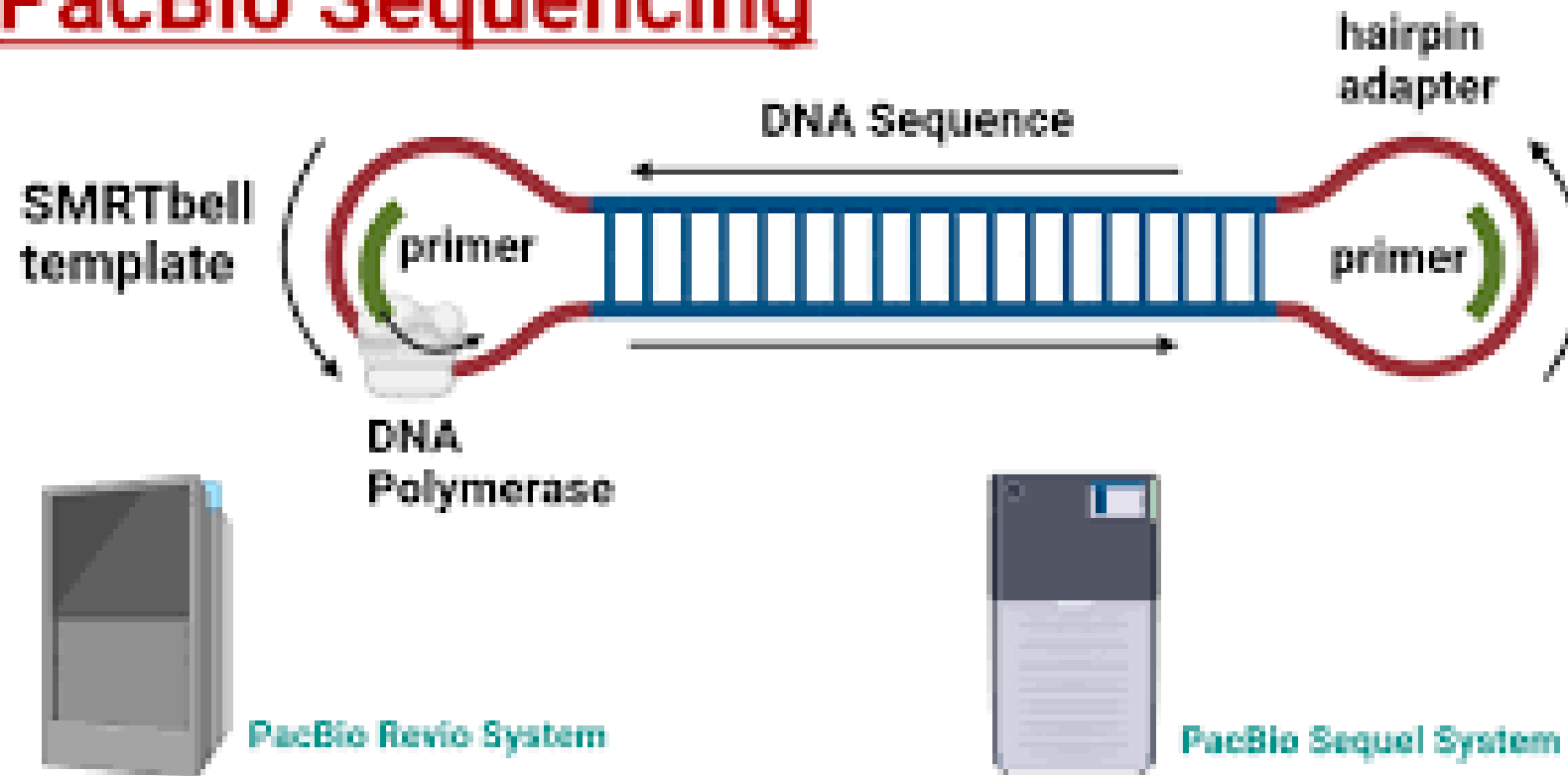
**ThermoFisher**  
SCIENTIFIC



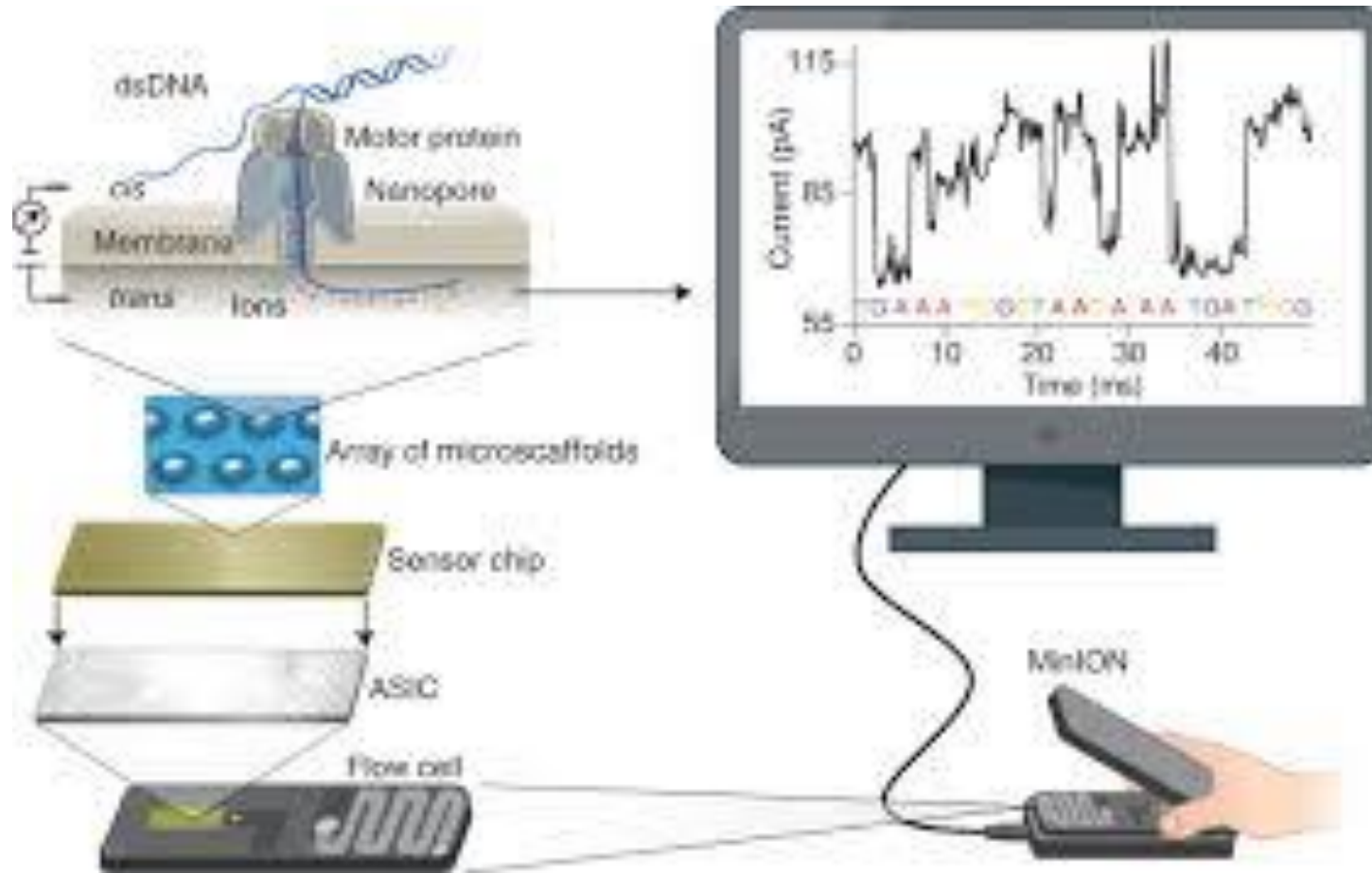
# Sekwencjonowanie HiFi (3. generacji)

## PacBio Sequencing

PacBio●

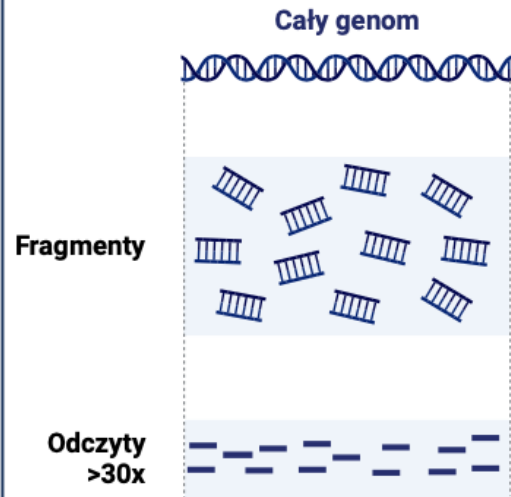


# Sekwencjonowanie 3. generacji



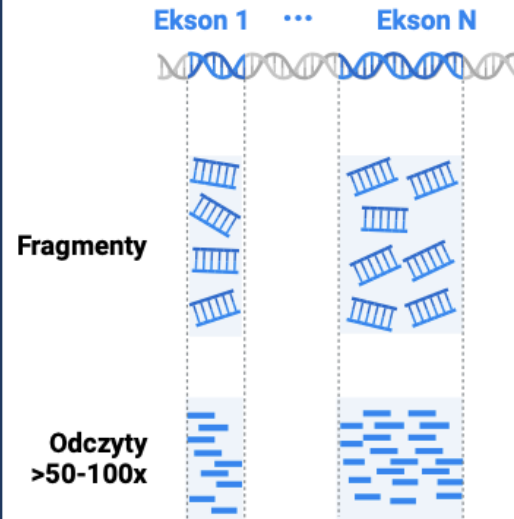
# Zastosowania NGS

## Sekwencjonowanie całego genomu (WGS)



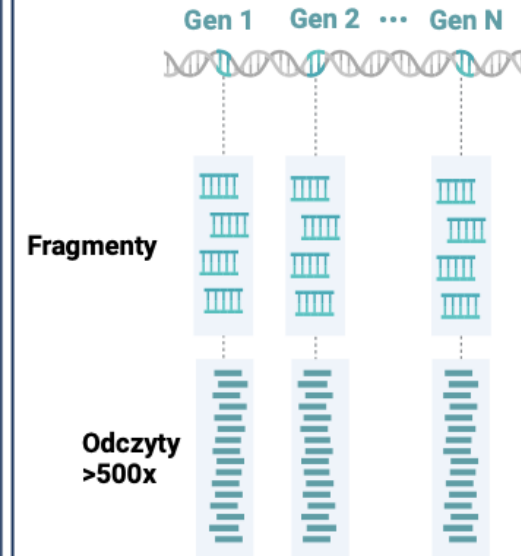
**Pokrycie:** wszystkie geny i DNA niekodujące  
**Dokładność:** Niska  
**Czas:** długi  
**Koszt:** Najdroższe  
**Głębokość:** >30X

## Sekwencjonowanie eksomowe



**Pokrycie:** Cały eksom (DNA kodujące)  
**Dokładność:** Dobra  
**Czas:** długi  
**Koszt:** średni  
**Pokrycie:** >50-100X

## Sekwencjonowanie ukierunkowane



**Pokrycie:** 10-500 genów  
**Dokładność:** Wysoka  
**Czas:** krótki (max. kilka dni)  
**Koszt:** najtańsze  
**Pokrycie:** >500X

# Od surowych odczytów do użytecznych biologicznie danych

