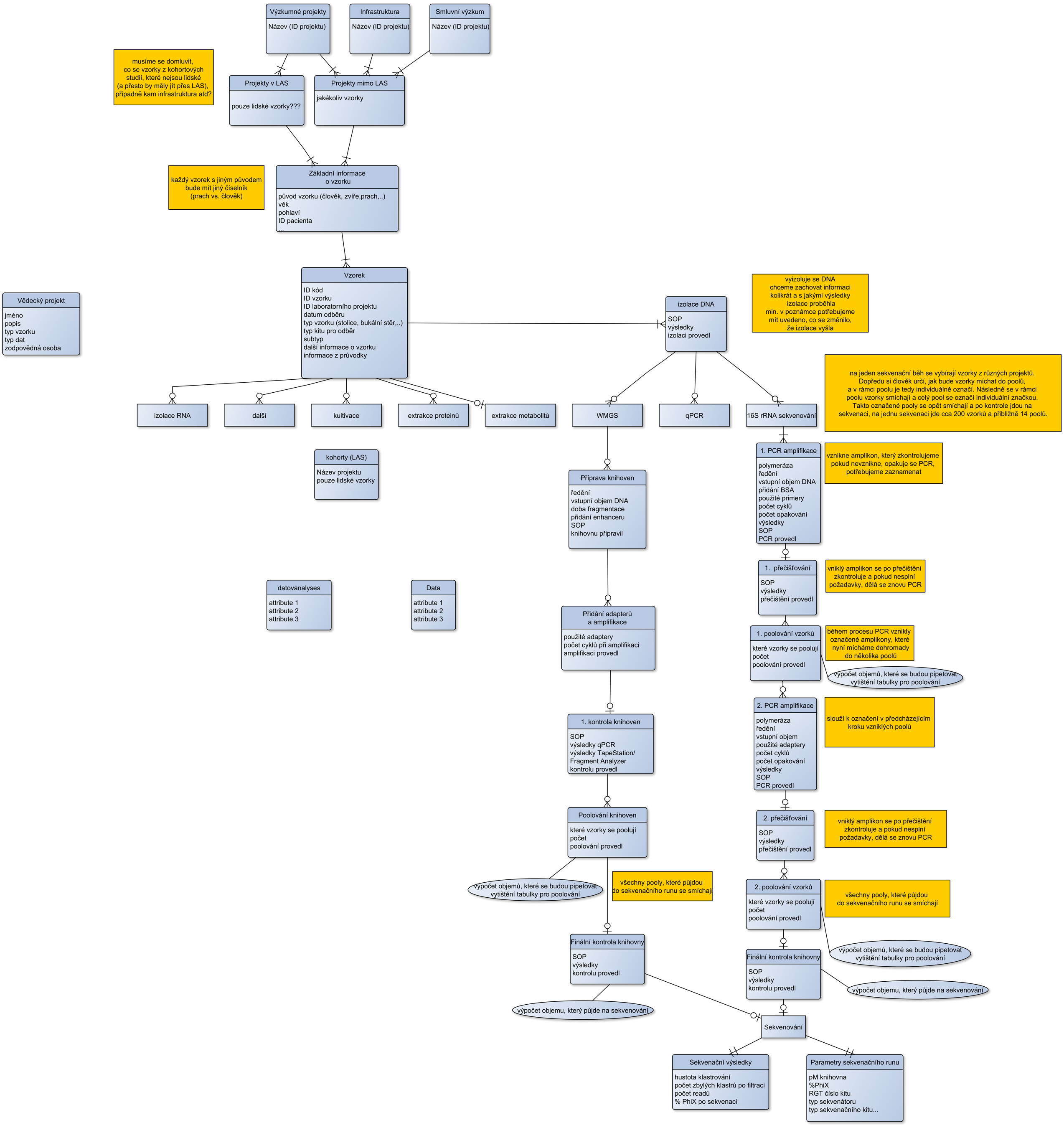
Výzkumné projekty
Název (ID projektu)
Infrastruktura
Název (ID projektu)
Smluvní výzkum
Název (ID projektu)
musíme se domluvit, co se vzorky z kohortových studií, které nejsou lidské (a přesto by měly jít přes LAS), případně kam infrastruktura atd?
Projekty v LAS
pouze lidské vzorky???
Projekty mimo LAS
jakékoliv vzorky
každý vzorek s jiným původem bude mít jiný číselník (prach vs. člověk)
Základní informace o vzorku
původ vzorku (člověk, zvíře,prach,..)
věk
pohlaví
ID pacienta
...
Vzorek
ID kód
ID vzorku
ID laboratorního projektu
datum odběru
typ vzorku (stolice, bukální stěr,..)
typ kitu pro odběr
subtyp
další informace o vzorku
informace z průvodky
Vědecký projekt
jméno
popis
typ vzorku
typ dat
zodpovědná osoba
izolace DNA
SOP
výsledky
izolaci provedl
vyizoluje se DNA chceme zachovat informaci kolikrát a s jakými výsledky izolace proběhla min. v poznámce potřebujeme mít uvedeno, co se změnilo, že izolace vyšla
izolace RNA
další
kultivace
extrakce proteinů
extrakce metabolitů
WMGS
qPCR
16S rRNA sekvenování
na jeden sekvenační běh se vybírají vzorky z různých projektů. Dopředu si člověk určí, jak bude vzorky míchat do poolů, a v rámci poolu je tedy individuálně označí. Následně se v rámci poolu vzorky smíchají a celý pool se označí individuální značkou. Takto označené pooly se opět smíchají a po kontrole jdou na sekvenaci, na jednu sekvenaci jde cca 200 vzorků a přibližně 14 poolů.
kohorty (LAS)
Název projektu
pouze lidské vzorky
Příprava knihoven
ředění
vstupní objem DNA
doba fragmentace
přidání enhanceru
SOP
knihovnu připravil
1. PCR amplifikace
polymeráza
ředění
vstupní objem DNA
přidání BSA
použité primery
počet cyklů
počet opakování
výsledky
SOP
PCR provedl
vznikne amplikon, který zkontrolujeme pokud nevznikne, opakuje se PCR, potřebujeme zaznamenat
1. přečišťování
SOP
výsledky
přečištění provedl
vniklý amplikon se po přečištění zkontroluje a pokud nesplní požadavky, dělá se znovu PCR
datovanalyses
attribute 1
attribute 2
attribute 3
Data
attribute 1
attribute 2
attribute 3
Přidání adapterů a amplifikace
použité adaptery
počet cyklů při amplifikaci
amplifikaci provedl
1. poolování vzorků
které vzorky se poolují
počet
poolování provedl
během procesu PCR vznikly označené amplikony, které nyní mícháme dohromady do několika poolů
výpočet objemů, které se budou pipetovat vytištění tabulky pro poolování
1. kontrola knihoven
SOP
výsledky qPCR
výsledky TapeStation/ Fragment Analyzer
kontrolu provedl
2. PCR amplifikace
polymeráza
ředění
vstupní objem
použité adaptery
počet cyklů
počet opakování
výsledky
SOP
PCR provedl
slouží k označení v předcházejícím kroku vzniklých poolů
Poolování knihoven
které vzorky se poolují
počet
poolování provedl
2. přečišťování
SOP
výsledky
přečištění provedl
vniklý amplikon se po přečištění zkontroluje a pokud nesplní požadavky, dělá se znovu PCR
výpočet objemů, které se budou pipetovat vytištění tabulky pro poolování
všechny pooly, které půjdou do sekvenačního runu se smíchají
2. poolování vzorků
které vzorky se poolují
počet
poolování provedl
všechny pooly, které půjdou do sekvenačního runu se smíchají
Finální kontrola knihovny
SOP
výsledky
kontrolu provedl
výpočet objemů, které se budou pipetovat vytištění tabulky pro poolování
Finální kontrola knihovny
SOP
výsledky
kontrolu provedl
výpočet objemu, který půjde na sekvenování
výpočet objemu, který půjde na sekvenování
Sekvenování
Sekvenační výsledky
hustota klastrování
počet zbylých klastrů po filtraci
počet readů
% PhiX po sekvenaci
Parametry sekvenačního runu
pM knihovna
%PhiX
RGT číslo kitu
typ sekvenátoru
typ sekvenačního kitu...