**Hľadanie genómov RNA vírusov po sekvenovaní celkovej RNA tkanív hlodavca**

Szemes, T.1, Hýblová, M.1, Šoltys K.1, Bokorová S.1, Klempa B.1, Budiš J.2, Turňa J.1

1 Prírodovedecká fakulta, Katedra molekulárnej biológie, Univerzita Komenského, Mlynská dolina, Bratislava, Slovenská republika

2Fakulta matematiky, fyziky a informatiky, Katedra Informatiky, Univerzita Komenského, Mlynská dolina, Bratislava, Slovenská republika

Na našom pracovisku sme v roku 2013 rozbehli viacero výskumným projektov z oblasti analýzy genómov, pre ktoré je spoločným menovateľom použitie technológie sekvenovania novej generácie. Špeciálne sa venujeme analýze minoritne zastúpených genómov v zmesných vzorkách. V historickej zbierke tkanív myších mozgov, sa nám po prepise RNA, sekvenovaní a použití de novo skladania, a teda bez a priori hypotézy o tom aký genóm hľadáme, podarilo najsť a rekonštruovať takmer všetky virálne genómy vo vzorke.