



二代测序(NGS)服务手册

 微生物组测序

 基因组测序

 质谱分析

 转录组测序

 表观组测序

 单细胞测序

目录

微生物组测序

- 微生物多样性测序(二代) 01
- 微生物多样性测序(三代) 04
- 宏基因组测序 06

转录组测序

- 普通转录组测序 08
- LncRNA测序 10
- miRNA测序 12
- CircRNA测序 14
- 全转录组测序 16

基因组测序

- 全基因组测序 18
- 人外显子组测序 19
- 动植物基因组重测序 20
- 细菌/真菌基因组测序 22

表观组测序

- 全基因组甲基化测序(wGBS) 24
- m⁶A甲基化测序 26

质谱分析

- 蛋白质组学 27
- 非靶向代谢组学 28

单细胞测序

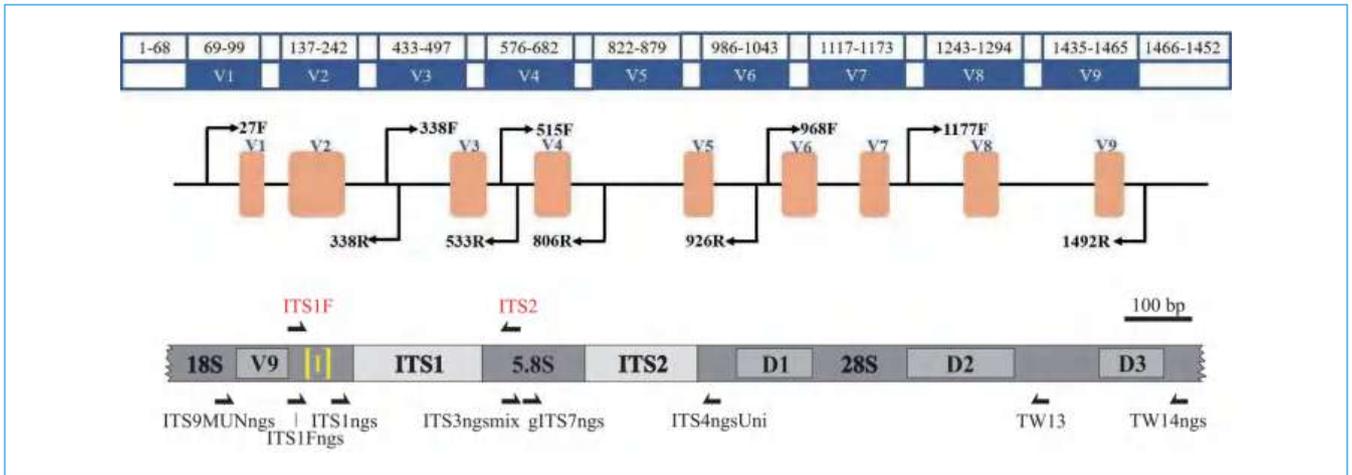
- 单细胞转录组测序 30

01

微生物组测序

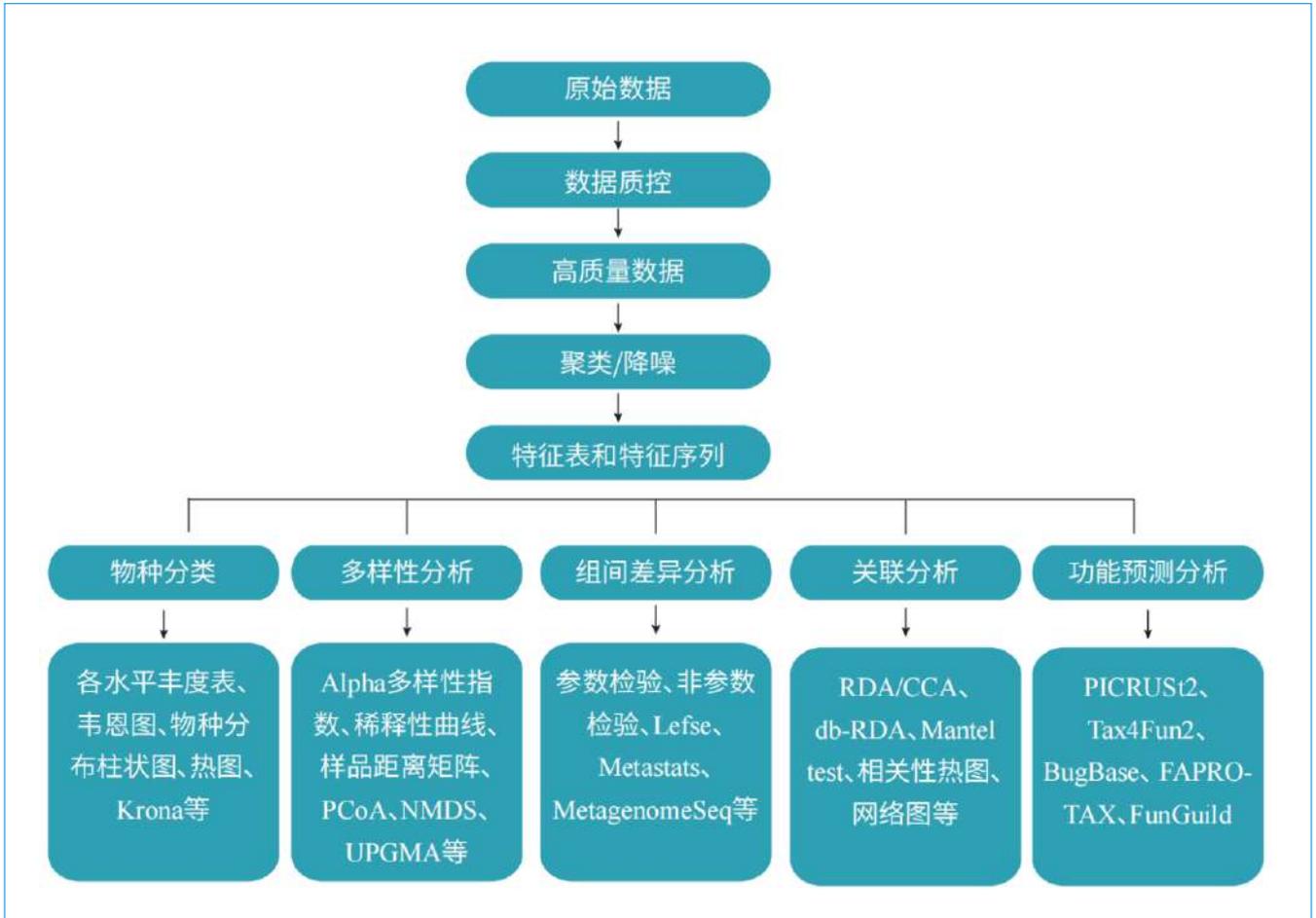
1 微生物多样性测序(二代)

微生物多样性测序是对环境样品中细菌(16S rDNA)、真菌(18S/ITS)、功能基因等基因的DNA进行特定长度的PCR扩增,并对扩增产物进行测序的分析,可实现对环境样品中的优势物种、稀有物种和一些未知物种进行检测,精准解析微生物在种属水平上的组成和丰度情况,是当前研究环境微生物多样性及群落组成差异的重要技术手段。



技术路线

01

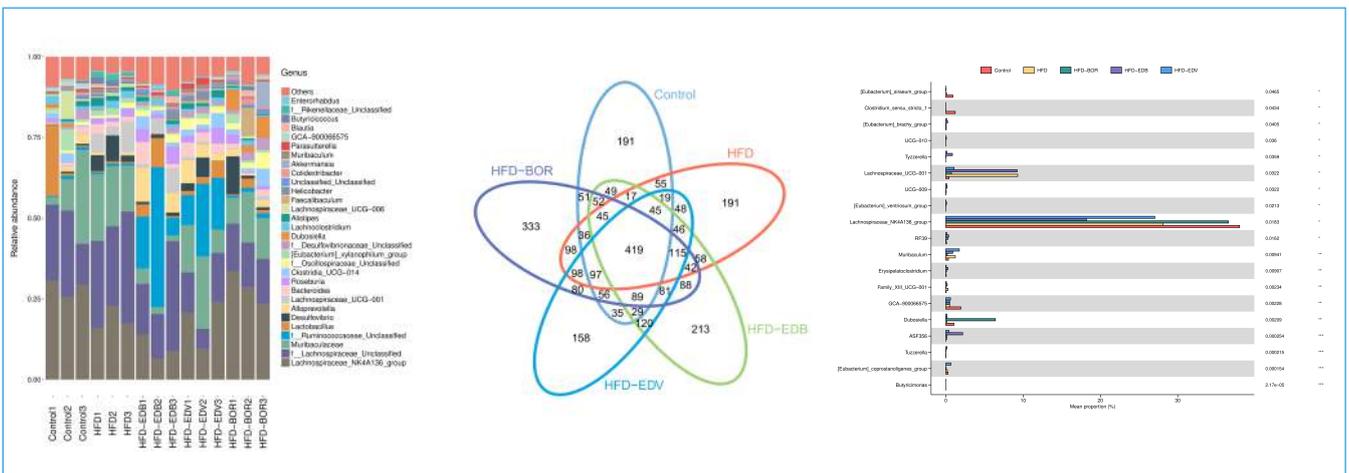


送样要求

DNA样品	浓度及总量
illumina	浓度 ≥ 1ng/μL, 总量 ≥ 30ng
ONT/BGI	浓度 ≥ 20ng/μL, 总量 ≥ 1μg

环境样品	送样要求	保存及运输
普通土壤	除去土壤表层未分解的凋落物层、动植物残体、石砾等杂质,将大块的样品捣碎,过2mm筛后,分装至2mL或更大体积的EP管或冻存管中;每管土壤含量大概0.25~0.5g,需保证送样量在1~2g。	样本-80°C或液氮中长期保存,干冰运输
根际土壤	收集植物植株,去除根部大块土壤;摇动植株去除附着不紧密的土壤,使用无菌刷子收集根部附着紧密的土壤;随机多点取样5-10g,过2mm筛后,分装至2mL或更大体积的EP管或冻存管中;每管土壤含量大概0.25~0.5g,需保证送样量在1~2g。	
粪便	无菌牙签或粪便取样器截取样品中段内部(避免表层中的肠道膜脱落细胞),外部容易污染目细菌DNA由于接触空气可能有降解。将已取的粪便样品分装至2mL EP管(无菌)或冻存管(无菌)中,每管粪便量为0.5~2g,每个样品分装2~3管备份。	
肠道内容物	在实验对象死亡后,无菌条件下,取出整个肠道,用无菌解剖刀切取所需肠段的,用无菌手术刀挖取内容物分装至2mL EP管(无菌)或冻存管(无菌)中,每管组织量为0.5~2g,每个样品分装2~3管备份	
水体	过滤大量低微生物含量的清亮水样用0.22um 的聚苯醚砜滤膜,每个样本至少1L水样。浑浊水样使用0.22um滤膜过滤缓慢容易堵塞时,建议使用0.45um的混合纤维素酯滤膜,每个样本0.5L-1L水样;如果水样中不可溶解的颗粒较多,需要使用2-5um孔径的滤膜将不可溶解的颗粒杂质滤去,再使用0.22um或0.45um的滤膜富集菌体,每个样本0.5L-1L水样。	
空气	开动采样仪(浮游细菌采集器),使被测空气滤过凝胶膜(灭菌),空气中的浮游菌被截留在凝胶膜上(过滤时间越长,收集的空气中的灰尘越多,菌数量越多),收集完成后取下滤膜。	

分析内容展示



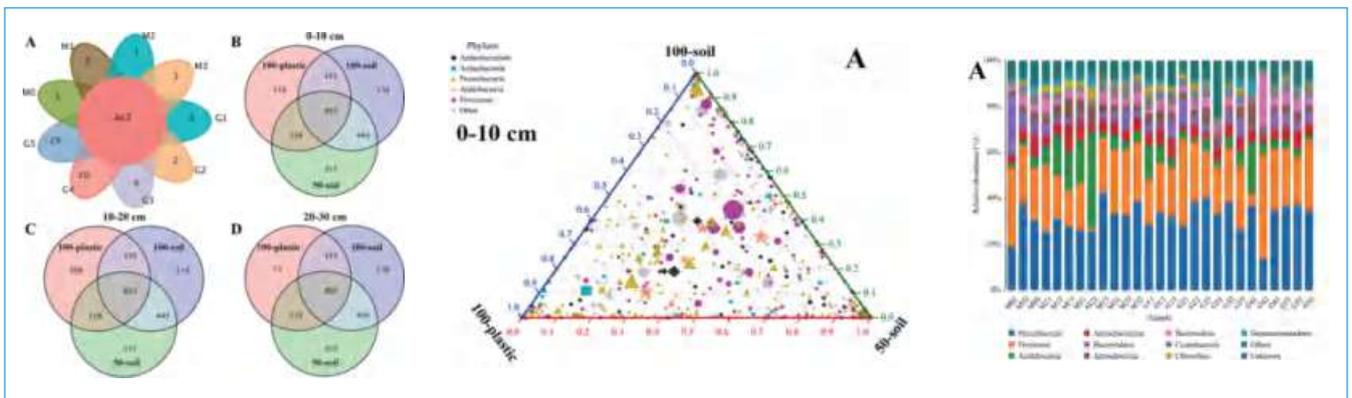
案例解析

研究背景

全球土壤系统中的塑料污染正成为一个严重的全球性问题，对陆地生态系统服务和人类健康构成潜在威胁。为了确定聚乙烯薄膜的降解性和生态效应，本研究以小麦为试材，通过盆栽试验，研究塑料降解与土壤微生物群落组成之间的互相作用。

研究结论

不同条件下的PE膜具有独特的降解性能，改变了土壤微生物群落组成。此外，在塑料薄膜上形成了一个巨大的独特微生物群，这可能会改变土壤的基本性质。PE膜可能是一种独特的微生物定殖基质，可能促进其自身降解，改变生物地球化学过程和土壤生态功能。



(具体细节请咨询我司技术人员)

2 微生物多样性测序(三代)

全长扩增子(16S/18S/ITS)测序基于Pacbio长读长测序平台，以16S为例，可以一次性获得9个高变区序列信息，获得注释到“种”的分类鉴定！不仅可以提高物种鉴定分辨率，还可以通过全长序列进行准确的物种注释，从而更加真实地还原样本中微生物的群落结构。

产品特点

1. PacBio全长多样性测序基于HiFi模式对单一片段进行多轮测序的方式来提升准确性。由于PacBio的原始错误为随机错误，可通过获取CCS进行自身纠正来提升数据的准确性。同一片段测序5次后，单一Read的准确性至少达到Q20(99%)。
2. 全长序列中携带的特征信息更多，可以支持“种”水平的分辨率。

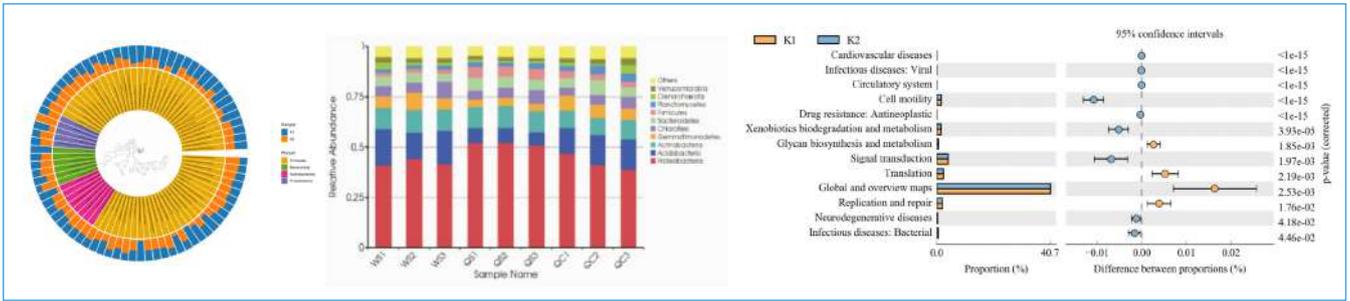
环境样品	二代属水平平均注释率	二代种水平平均注释率	三代属水平平均注释率	三代种水平平均注释率	种水平提升倍数
粪便	75%	6.4%	88%	72%	12
发酵	78%	20%	97%	85%	4
肠道	67%	9.4%	82%	62%	6
淤泥	43%	5.5%	63%	28%	5
土壤	48%	3.8%	68%	36%	11
水体	64%	7%	77%	56%	8

3. 群落结构更准确，避免了短读长扩增子的PCR引物选择会影响推断的群落准确性和某些细菌类群的敏感性。
4. CCS扩增子测序模式结合DADA2软件算法，可获得单碱基/近零错误率的全长rRNA基因序列。

项目流程图



分析内容展示



案例解析

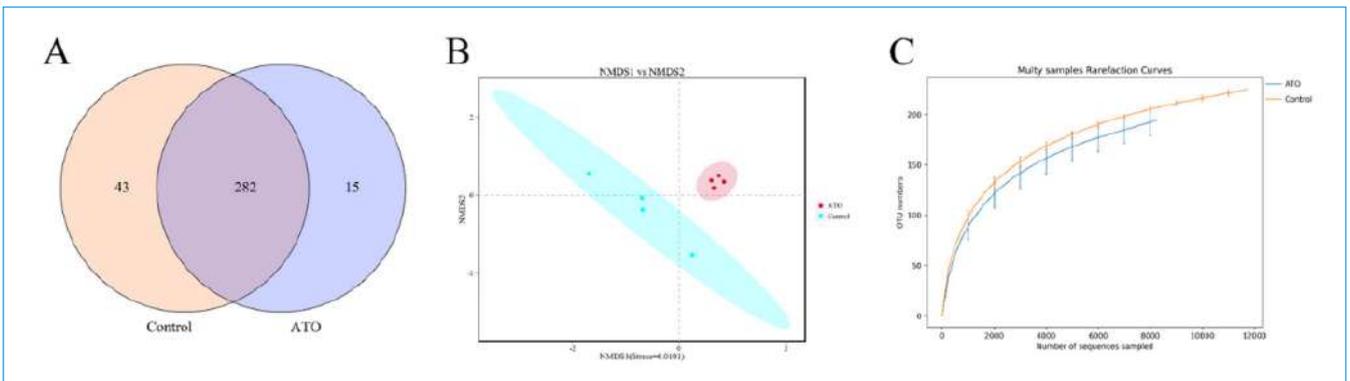
研究背景

砷是一种重要的有害金属，普遍存在于受污染的土壤、河流和地下水中。然而，关于三氧化二砷(ATO, 砒霜)对水禽肠-肝轴的影响及其肝毒性的研究还很少。本研究探讨了肠-肝轴在三氧化二砷诱导的肝毒性和肠道毒性中的作用。

研究结论

ATO暴露引起鸭肠菌群 α -多样性显著降低，对照组中凸腹真杆菌、产硫球链菌、类肠膜魏斯氏菌和厌氧消化链球菌等更丰富。ATO暴露显著降低肠道屏障相关蛋白的表达，导致肠道通透性增加和脂多糖水平升高；上调了肝脏和空肠的焦亡相关指数，并增加了促炎细胞因子的产生。进一步的机制研究表明，ATO诱导的肝脏和空肠炎症是由LPS/TLR4/NF- κ B信号通路和NLRP3炎症小体的激活引起的。这些结果表明，ATO暴露可导致肝脏和空肠炎症和焦亡，而间接的肠-肝轴通路可能在ATO诱导肝毒性的潜在机制中发挥重要作用。

05



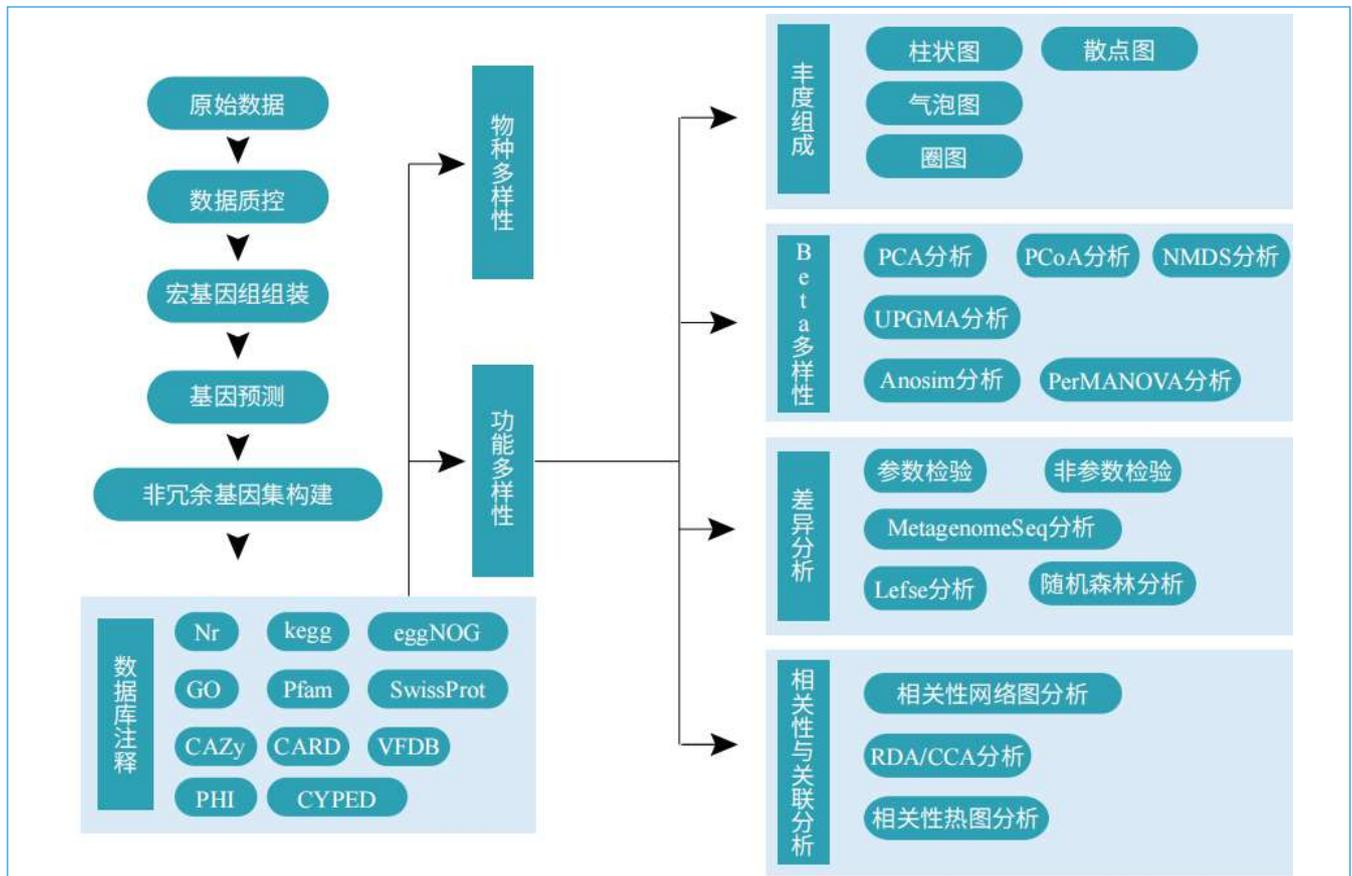
3 宏基因组测序

宏基因组学(Metagenomics), 又称元基因组学, 是以特定生境中的整个微生物群落作为研究对象, 无需分离培养, 直接提取环境样本DNA进行测序, 研究环境微生物的群落结构、物种分类、系统进化、基因功能及代谢网络等, 已广泛应用于微生物领域。

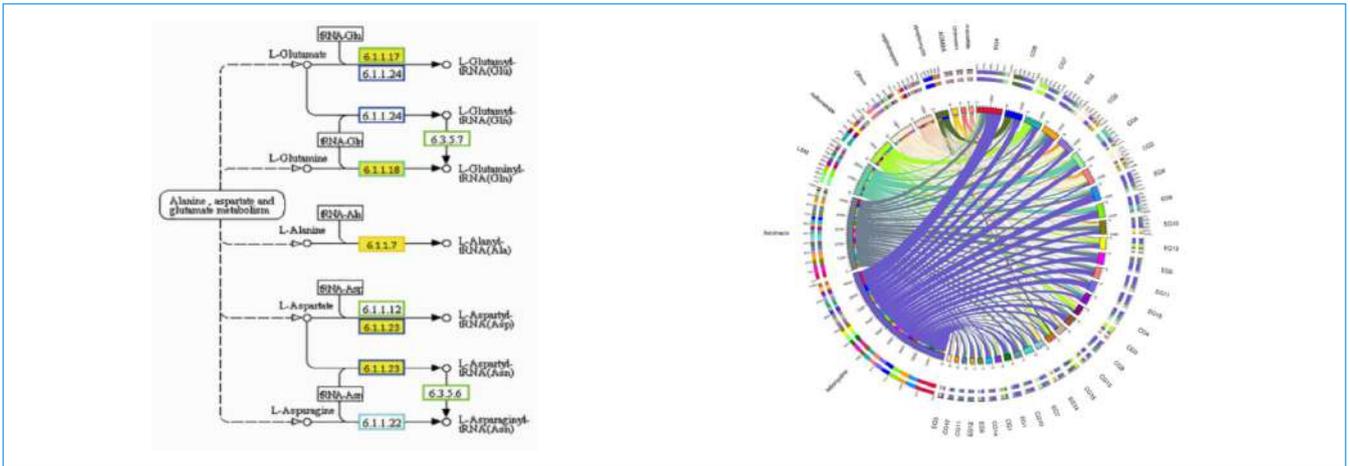
产品特点

1. 直接对群落样本中的基因片段进行测序, 真实再现群落复杂而精密的生态功能;
2. 样本类型涵盖广, 微量提取成功率高;
3. 使用Illumina NovaSeq超高通量测序平台, 速度更快周期更短;
4. 功能+物种, 双管齐下; 拼接+不拼接, 各取所长, 真正实现对物种和功能的“高分辨率”精确定量;
5. 根据样本、数据特征, 自动选择最佳分析流程, 多种功能注释数据库可选, 最优化宏基因组功能代谢谱注释;
6. 通过多种多变量统计分析和机器学习方法, 系统深入地挖掘宏基因组大数据种差异相关的关键物种和关键功能, 精确识别关键生物标记物;

技术路线



分析内容展示



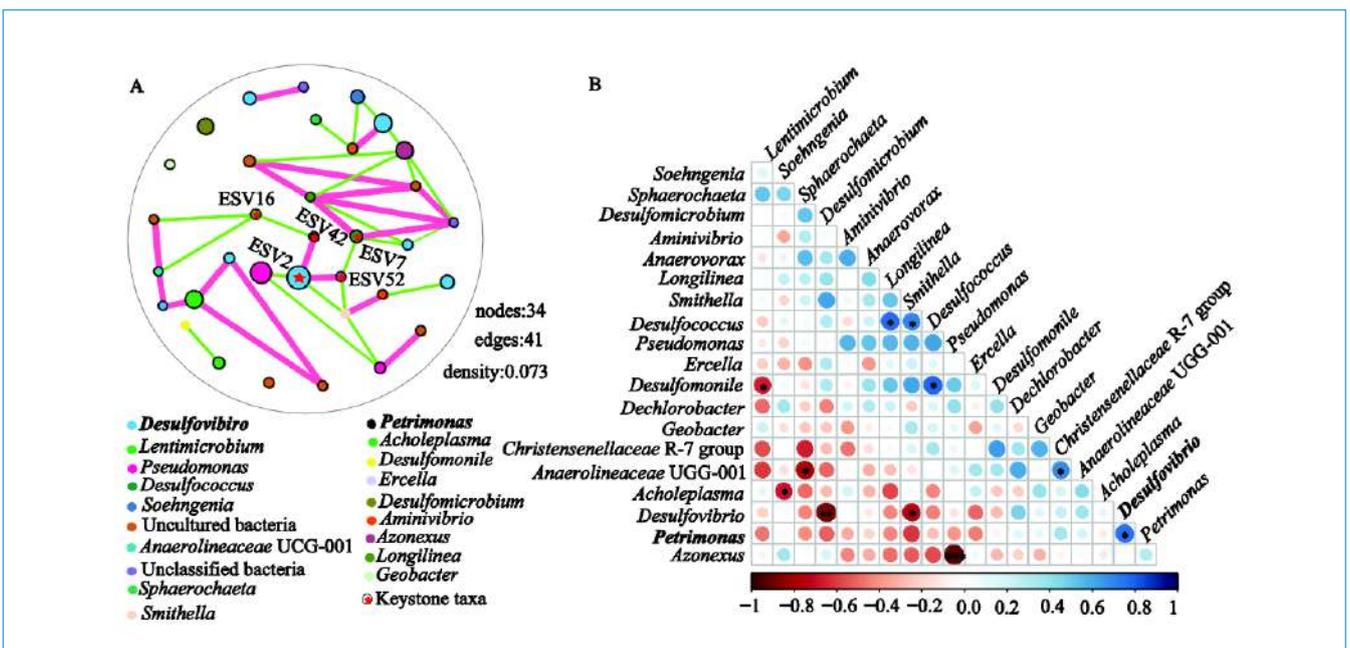
案例解析

研究背景

随着工业化和城市化进程的推进，多环芳烃类污染物在水体沉积物中频繁检出，给水生态安全和人类健康造成极大威胁。本研究通过结合梯度稀释培养法、传统的分离培养技术以及宏基因组生物学分析等多种方法手段，深入解析了黑臭河流沉积物中硫酸盐呼吸耦合多环芳烃降解的核心功能微生物组。

研究结论

梯度稀释培养法在显著降低沉积物中微生物群落复杂，同时并未削弱菌群的多环芳烃降解功能。Desulfovibrio和Petrimonas是硫酸盐呼吸耦合多环芳烃降解的核心功能微生物。这两种微生物通过潜在的协同作用促进多环芳烃降解转化。其中，Desulfovibrio主要负责通过羧化途径将多环芳烃降解至六氢-2-萘甲酰，而Petrimonas则利用其相对完整的三羧酸循环途径和磷酸戊糖途径实现前者多环芳烃中间代谢产物的进一步降解转化。



(具体细节请咨询我司技术人员)

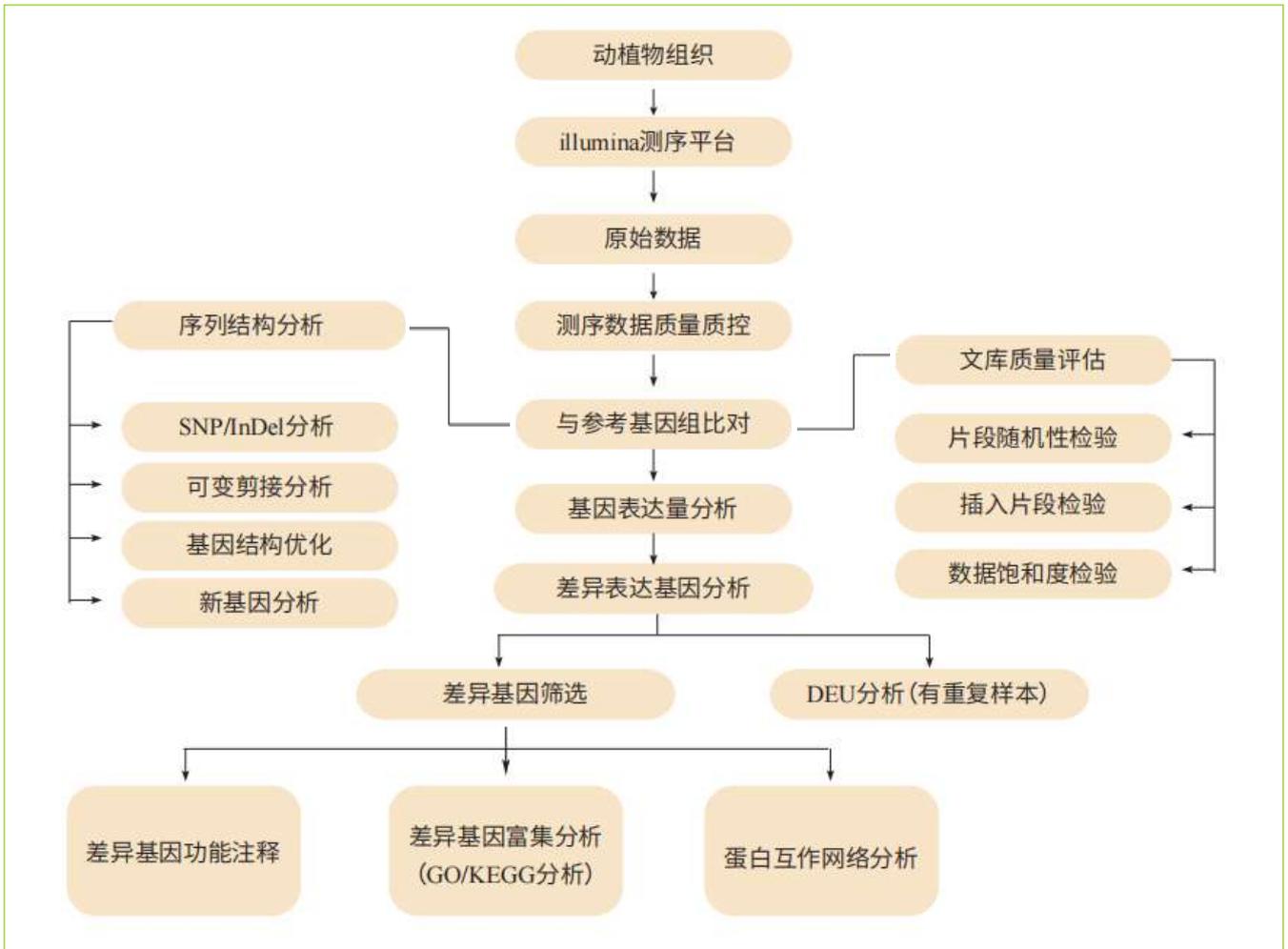
02

转录组测序

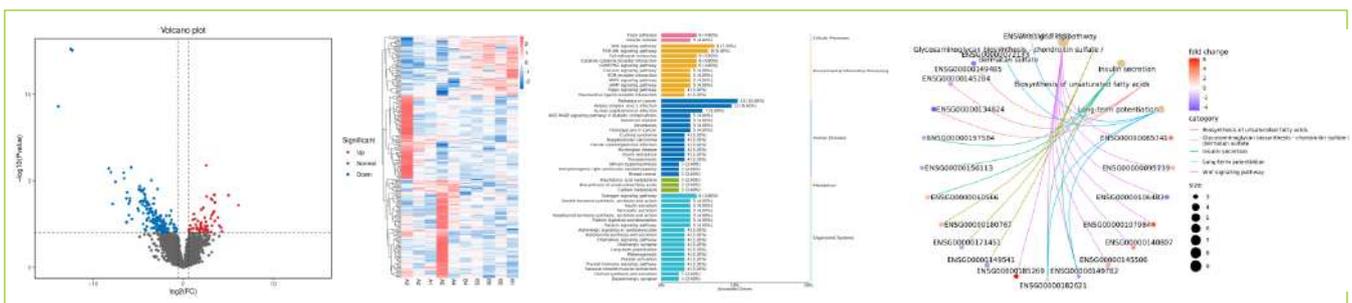
1 普通转录组测序

转录组测序能够对样品任意时间点或任意条件下的转录组进行测序，获取某一状态下所能转录出来的所有 mRNA 的信息，拥有精确到单个核苷酸的分辨率。能够动态反映基因转录水平，同时鉴定和定量稀有转录本和正常转录本，并提供样品特异的转录本序列结构信息。目前已广泛应用于动植物发育调控、环境适应、免疫互作、基因定位、物种遗传进化、分子育种、药物研发及遗传疾病检测等。

技术路线



分析内容展示



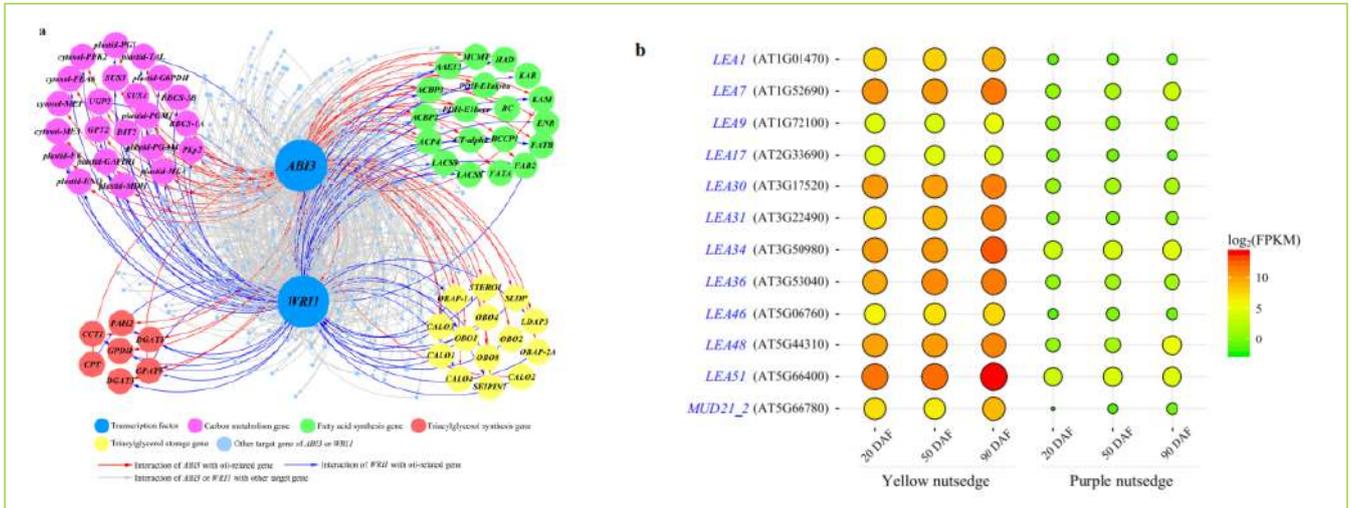
案例解析

研究背景

黄油莎草被认为是一种研究地下储存组织碳合成的新模型系统。目前，这种作物的分子资源和基因组信息的匮乏阻碍了我们对控制油脂生产的潜在分子机制的理解。本研究比较分析了黄油莎草鱼紫油莎草块茎发育过程中油脂积累相关基因的整体表达。

研究结论

本研究发现莎草块茎中高的油脂积累与更丰富的脂肪酸合成和三酰基甘油储存转录本密切相关。



(具体细节请咨询我司技术人员)

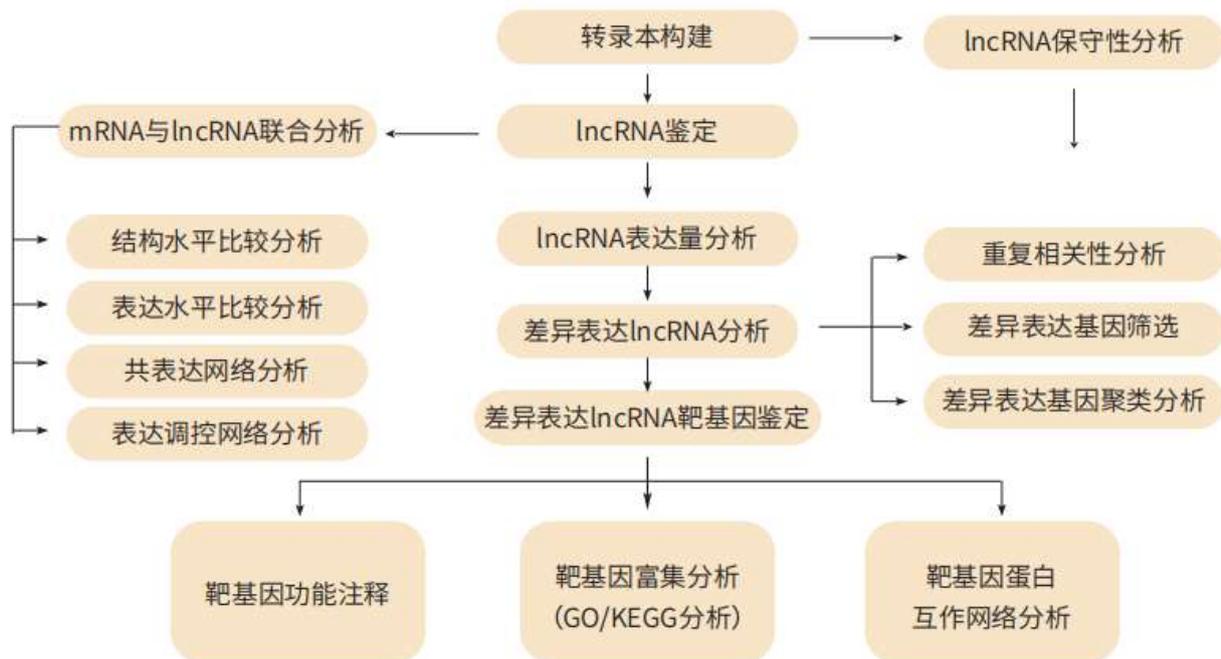
长链非编码RNA(long non-coding RNA, lncRNA)是一类长度大于200nt, 位于细胞核或胞浆中, 表达量和保守性略低于mRNA且具有细胞或组织类型特异性的低编码功能性RNA分子。近年来, 随着测序以及其他分析技术的发展, 大量lncRNA已经被鉴定, 并且越来越多的证据表明lncRNA在转录调控、转录后调控及表观调控等多个层面调控基因表达, 在生物体生命活动中有重要作用。

lncRNA测序采用去核糖体的链特异性建库方式进行建库, 并使用二代illumina测序平台进行测序, lncRNA建库属于mRNA+lncRNA, 只需要一次建库, 就能同时获得mRNA的数据以及lncRNA的数据, lncRNA结合转录组或小RNA测序可全面解析物种个体发育、环境适应、免疫互作及表型变异机制。

作用机制

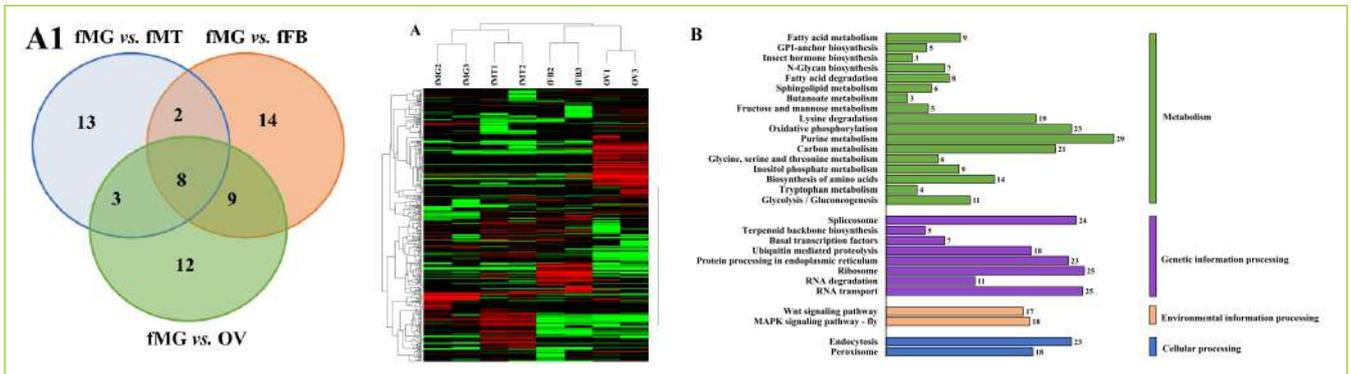
1. lncRNA通过参与调控蛋白质编码基因, 影响细胞内信号转导途径以及发育过程中的基因调控机制
2. 动植物受到病原物侵染过程中lncRNA表达会发生变化, 具体表现为长链非编码RNA在序列和空间结构上的异常、表达水平的异常、与结合蛋白相互作用的异常等。
3. 植物中很多功能的调控都离不开lncRNA参与, 例如响应外部环境(温度、盐碱等)胁迫, lncRNA表达量变化调控转录本表达发生变化。
4. 可以与其他组学进行多组学联合分析, 包括lncRNA+mRNA、lncRNA+miRNA、lncRNA+甲基化等。

技术路线



长链非编码RNA生物信息分析流程图 (lncRNA部分)

分析内容展示



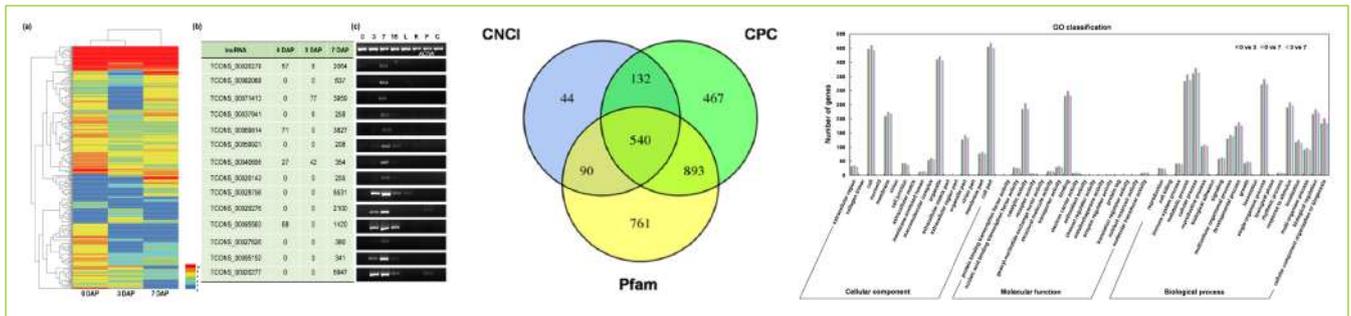
案例解析

研究背景

在植物中，大量的lncRNA被鉴定，并证实在基因沉默、生殖发育、开花时间调节、胁迫反应等重要发育途径中发挥重要作用。水稻种子是水稻重要的生殖器官，直接决定产量和品质，然而lncRNAs在水稻种子发育中的作用尚不清楚。

研究结论

差异lncRNA的靶基因GO富集分析显示，主要在细胞成分、分子功能和生物过程进行富集。主要涉及细胞过程、代谢过程、催化活性、细胞器和细胞组分，这些结果表面，这些差异表达的lncRNA可能通过影响各种途径参与种子发育。这些结果扩展了水稻中lncRNA数据集，增强了我们对lncRNA在水稻种子发育中的生物学功能的理解。



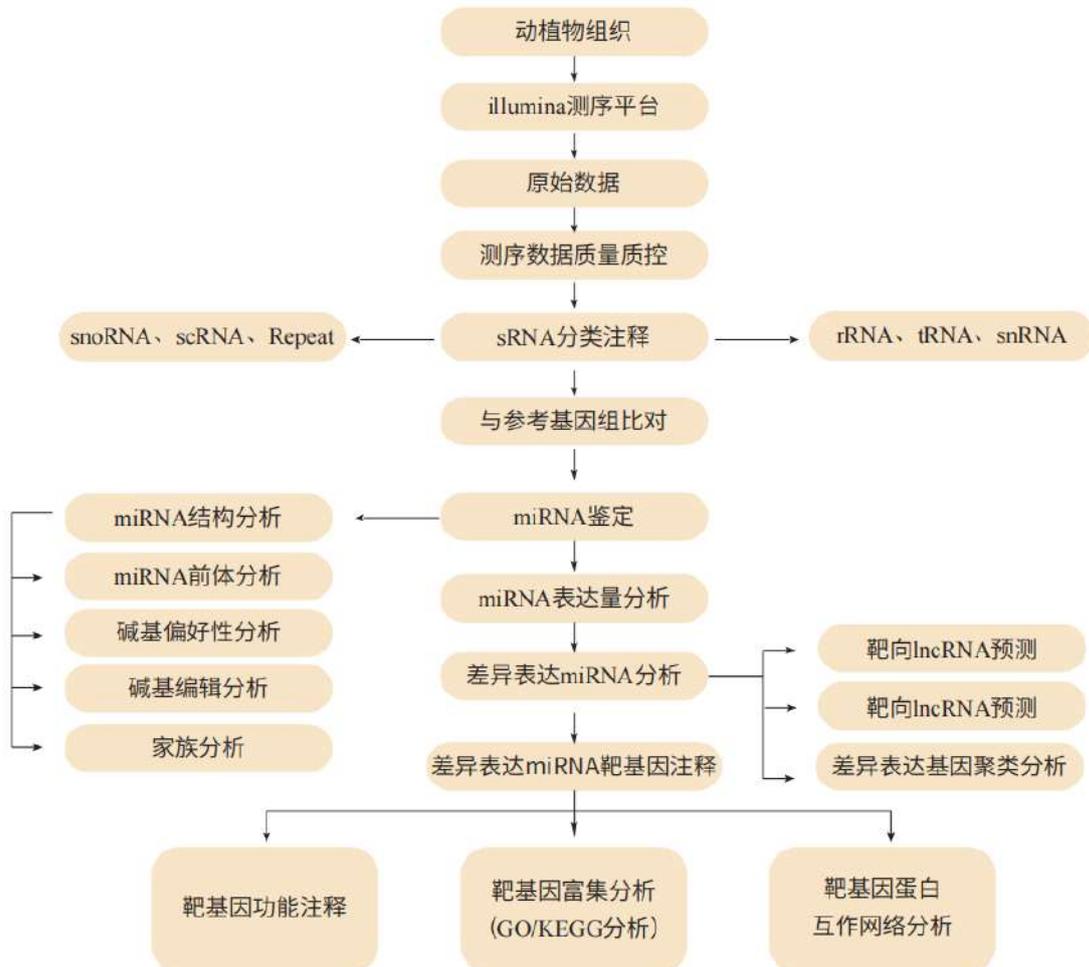
3 miRNA测序

miRNA测序是通过检测已知和未知miRNA的表达水平及其表达差异，结合同一样本的转录组测序数据进行联合分析，可以同时分析miRNA及其靶基因的表达情况，为研究RNA的功能及调控机制提供有力的工具。

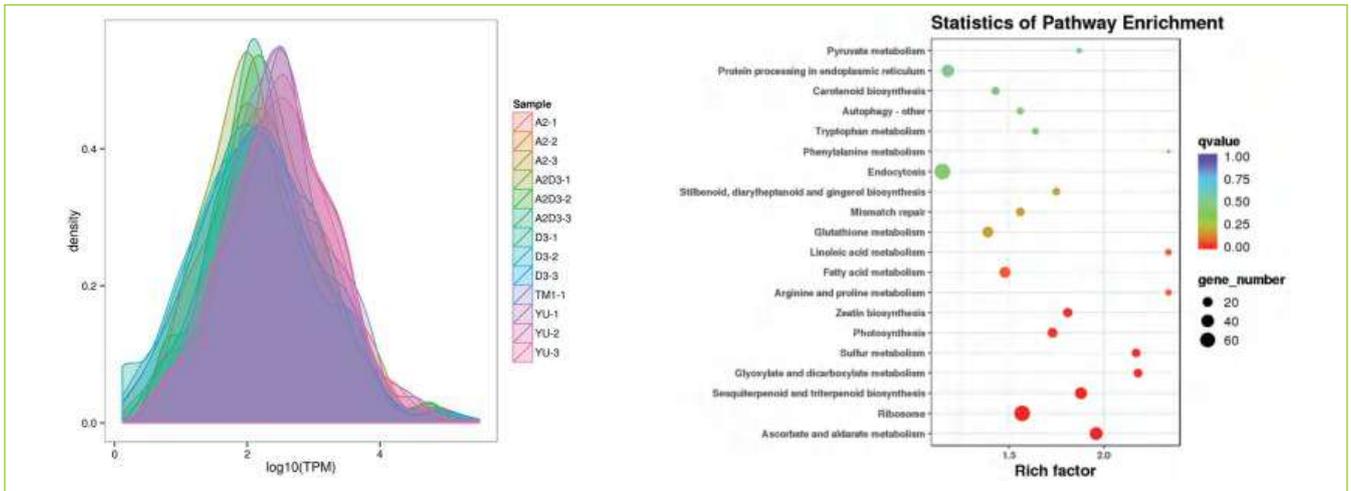
作用机制

1. 翻译抑制: miRNA与靶mRNA通过6-7个碱基互补结合(部分互补), 可导致miRNA在蛋白质翻译水平上抑制靶基因表达(哺乳动物中比较普遍)
2. mRNA的降解: miRNA也有可能影响mRNA的稳定性。如果miRNA与靶位点完全互补(或者几乎完全互补), 那么这些miRNA的结合往往会引起靶mRNA的降解(在植物中比较常见)
3. 转录调控: 表观遗传是指在核酸序列水平上不涉及基因组改变的遗传变化。miRNA影响基因启动子CpG岛甲基化作用, 在转录水平直接对靶基因进行调控作用
4. 联合分析: 可以与多种产品进行联合分析。包括mRNA+miRNA、lncRNA+miRNA、circRNA+miRNA+lncRNA、甲基化+mRNA+miRNA等。

技术路线



分析内容展示



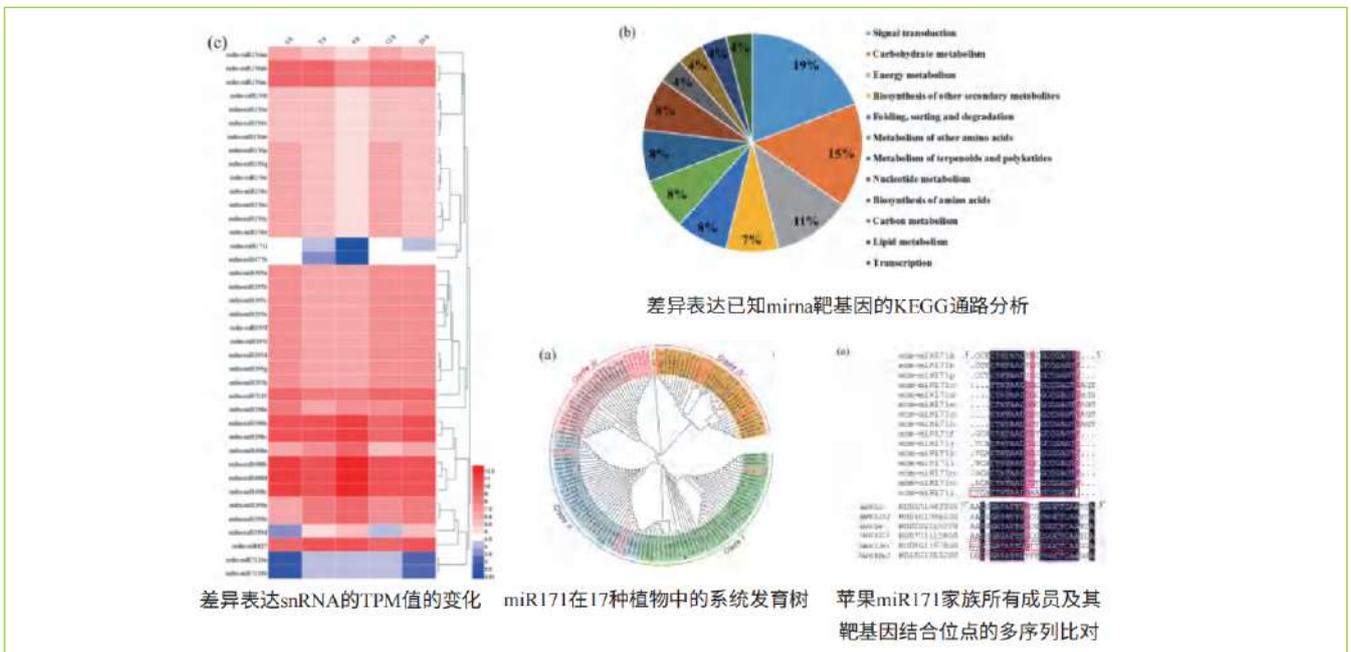
案例解析

研究背景

苹果是世界上最重要的经济果树之一，干旱胁迫抑制苹果生长，导致叶片过早脱落，果实产量和品质下降。snRNA参与了植物的许多生物学过程，如生长和器官发育、激素信号通路、营养吸收和调控以及非生物和生物胁迫反应。最近的研究集中在揭示苹果miRNA在许多生物过程中的作用，如营养阶段转变，茎生长、形态发生和生物应激反应。然而对于干旱胁迫下苹果miRNA的响应模式和调控网络的研究还很少。

研究结论

在本研究中，通过小RNA测序分析来鉴定野生苹果中的snRNA及其靶标基因，鉴定得到210个已知miRNA和125个候选miRNAs。研究干旱胁迫下这些snRNA和靶基因的表达模式。基于功能注释和富集结果得出结论，miR171i-SCL26.1模块通过调节抗氧化基因表达和抗坏血酸代谢来提高抗旱性，snRNA在干旱胁迫的早期能够快速响应环境刺激并调节基因表达。



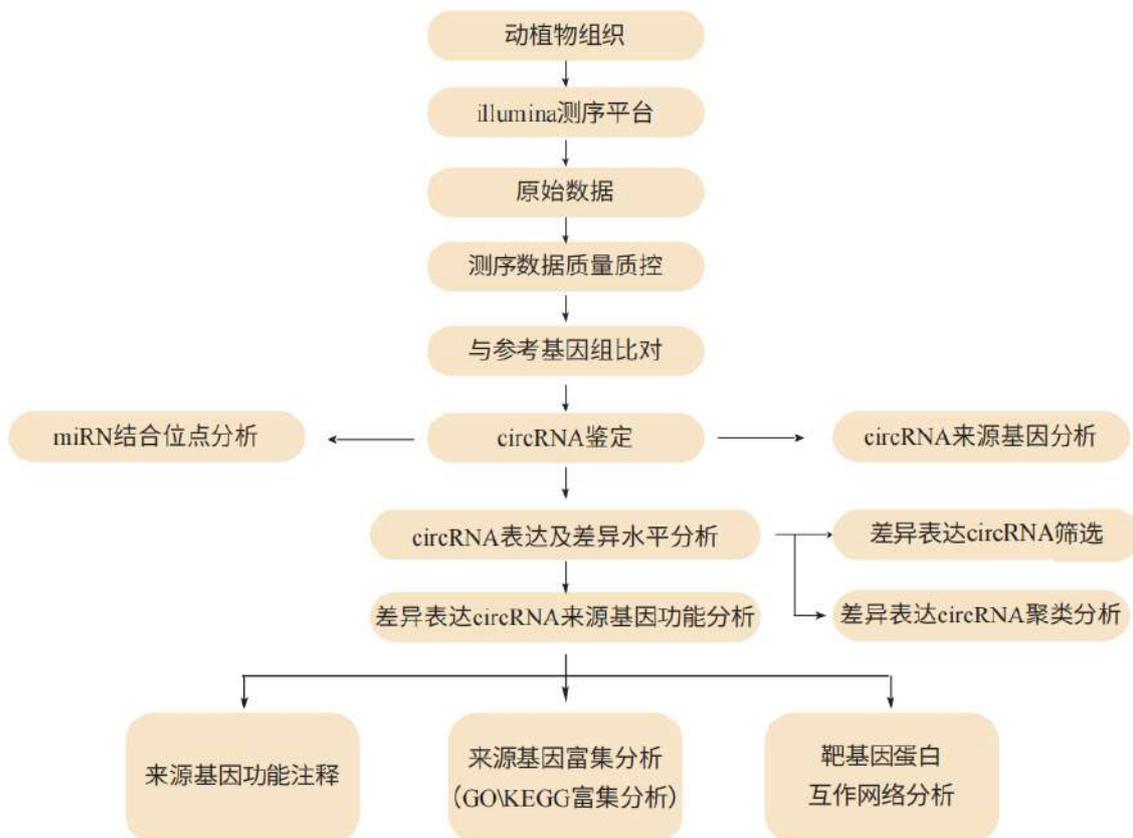
4 circRNA测序

环状RNA(circular RNA, circRNA)是一类特殊的非编码RNA分析，测序采用Illumina测序平台进行测序，针对有参考基因组样本开展准确的circRNA鉴定以及来源基因的分析，环状RNA测序在医学、农学研究领域应用越来越广泛。

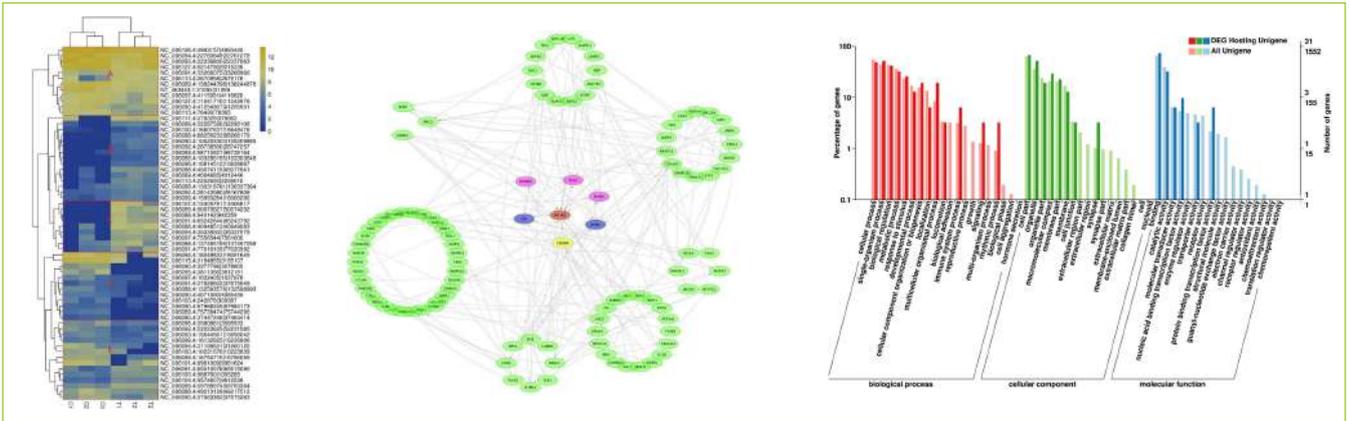
作用机制

1. miRNA分子海绵作用 有些circRNA具有miRNA的应答元件(miRNA response element, MRE)，能够作为分子海绵而吸附miRNA，从而作为竞争性内源RNA (ceRNA)分子，在circRNA-miRNA-mRNA的调节体系中起作用，研究表明在不同物种中circRNA可以作为ceRNA与miRNA竞争靶基因的结合。
2. 疾病标志物因为circRNA有很强的稳定性和组织表达特异性，所以医学上常常把circRNA作为疾病的生物标记物来使用。
3. circRNA可以调节亲本基因的表达大量存在于细胞核的lircRNA可参与基因的调控反应，能够通过顺式调控作用增强其亲本基因转录能力，或者ElcircRNA与转录因子结合，竞争性调控经典的RNA线性剪接。

技术路线



分析内容展示



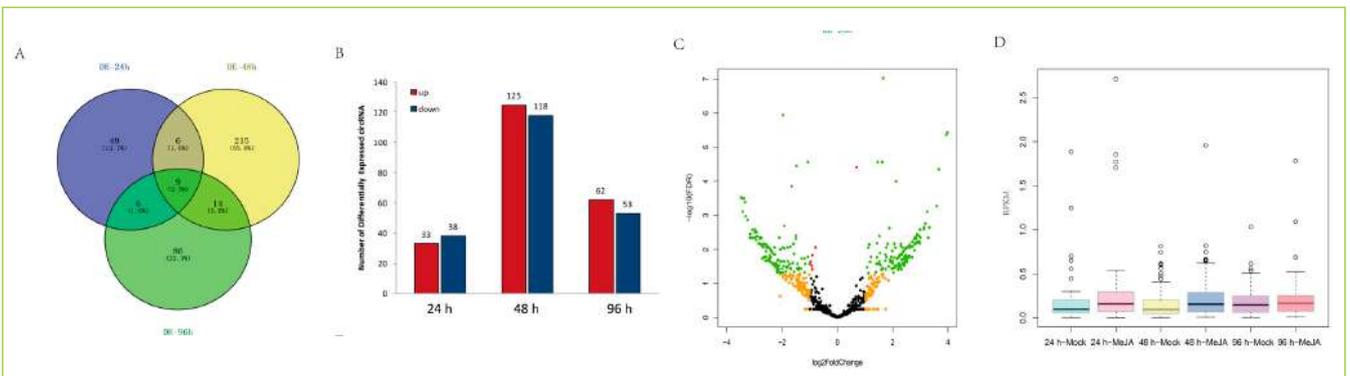
案例解析

研究背景

circRNA在调节动物的各种生物过程中发挥重要作用，在动物主要调节各种生物过程中的基因表达，植物中主要在发育过程和逆境响应中发挥着功能作用。植物激素茉莉酸(JA)可以诱导植物中JA响应基因的表达和各种次级代谢物的积累来调控植物的生长发育过程以及对生物胁迫的适应性。然而circRNA是否参与了植物对JA应答尚不清楚。

研究结论

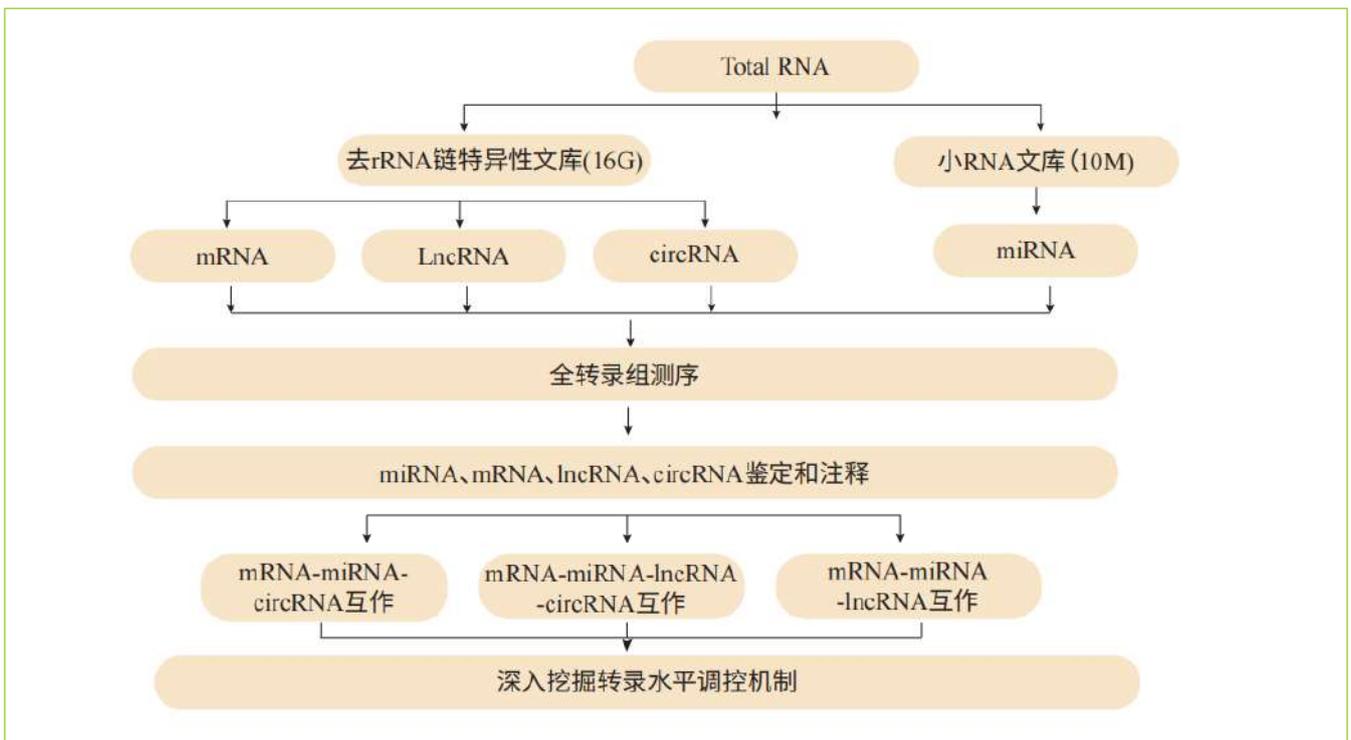
本研究对MeJA处理的不同时间梯度的拟南芥样本进行高通量测序。分析结构共鉴定到8588个circRNA，其中65.99%只产生一个circRNA。不同的时间点处理鉴定了385个共有差异表达circRNA，大多数差异circRNA的表达在MeJA处理后24h和48h显著增加。同时，对差异circRNA的来源基因进行了功能注释和富集分析，GO结果表明富集宿主基因的功能与植物对刺激的反应有关。这些结果表明circRNA可能在JA介导的信号通路中发挥作用。本研究揭示了circRNA在JA信号网络中的潜在功能。



5 全转录组测序

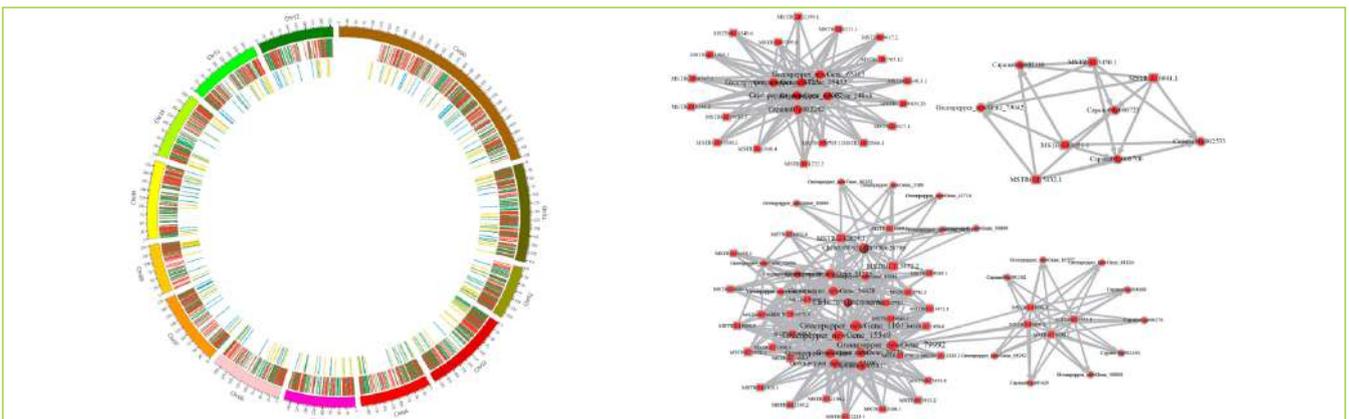
全转录组高通量测序，采用去核糖体链特异性建库方法和小片段富集筛选建库方法，可实现编码RNA和非编码RNA的建库、测序、信息分析及联合分析、ceRNA等，从而快速全面准确地获得与特定生物学过程(例如发育、疾病等)所有RNA转录本数据信息，通过数据分析将生物调控机制研究延伸到“网、多层面”结合的立体模式，有助于相对全面解读生物学现象。

技术路线



16

分析内容展示



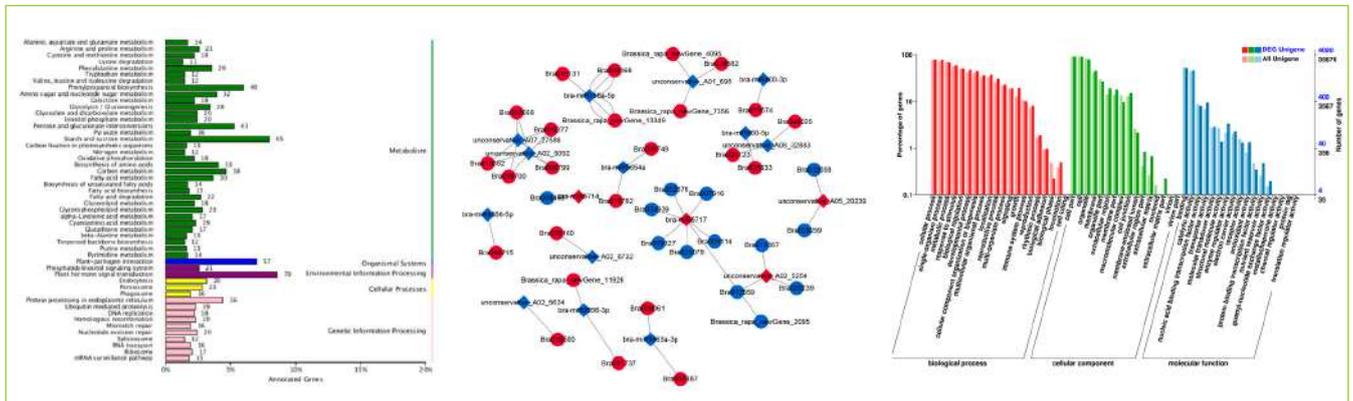
案例解析

研究背景

植物的雄性不育性包括基因雄性不育(GMS)和细胞质雄性不育(CMS)。在以往的研究中, CirRNA作为内源非编码RNA, 被认为具有miRNA海绵和竞争性内源RNA功能。关于CirRNA在雄性不育和花药发育中研究较少, 有研究表明环状RNA可能在调控花和花粉发育中发挥作用。但研究中未建立circRNA-miRNA-mRNA网络, 关于三者雄性生殖发育中的相互作用尚需进一步研究。

研究结论

通过全转录组测序, 揭示了油菜花药发育中新的circRNA-miRNA-mRNA调控网络, 加深了对花药发育及雄性不育的理解, 为进一步研究CirRNA和mRNA在花药发育中的功能提供了一定的基础。



03

基因组测序

1 全基因组测序

人基因组重测序(全基因组测序)是指以人基因组参考序列为基础,在个体或群体水平更全面地挖掘基因序列差异和结构变异,实现基因型多样性分析、遗传进化分析,致病和易感性基因,单基因病筛查以及癌症筛查等,被广泛应用于人类遗传学、转化医学和群体演化等领域。

WGS技术对基因组中全部的DNA序列进行检测,不仅覆盖了全部基因的外显子序列,也覆盖了内含子序列和基因间序列,同时WGS技术可有效避免在对相关基因组区域进行靶向富集时产生的技术性扩增偏差,不仅可以检出单个核苷酸变异(SNV)、碱基插入缺失(InDel)、拷贝数变异(CNV),还可以对SV进行分析,并可以常规性地对线粒体基因组(mtDNA)变异进行分析,极大地扩展了检测范围,获得更为完整的基因组信息。

技术优势

1. 基于成熟的检测方案,可全面检测基因组变异类型包括SNP、InDel、CNV、SV
2. 基于领先的分析流程,可全面检测基因的编码区变异和非编码区变异

项目流程



样本准备



组织, 白细胞, 外周血, 全血, 总脱氧核糖核酸等, 建议总脱氧核糖核酸起始量: >1 μ g

(具体细节请咨询我司技术人员)

2 外显子组测序

外显子组测序(Whole Exome Sequencing, WES)利用序列捕获技术将全基因组中的外显子区域DNA捕获富集后进行高通量测序的基因组分析方法,用于发现与蛋白质功能变异相关的基因突变。外显子组约占基因组的1-2%,但涵盖了约85%的致病相关的基因变异,因而成为检测基因组突变的首选对象。外显子组测序已在肿瘤、遗传病、新发变异、生殖生育、药物基因组与用药指导等研究中广泛应用。

遗传性疾病是影响人类健康的重要因素。通过WES能快速、准确地鉴定变异位点,已广泛应用于群体遗传学、遗传病等的诊断当中,尤其针对遵循孟德尔遗传规律的遗传病,可高效地鉴定导致疾病发生的潜在基因变异。

在肿瘤研究中,通过WES检测胚系和体细胞的基因变异,挖掘驱动基因,分析肿瘤拷贝数变异(CNV)、肿瘤突变负荷(TMB)和预测肿瘤新抗原(Neoantigen)等,不仅可以从基因组水平揭示肿瘤发生发展机制,也可以对肿瘤的免疫治疗、靶向用药和疗效评估等具有重要参考价值。

技术优势

1. 更优的捕获效果: 优先采用捕获性能更优异的TWIST exome探针进行外显子组捕获
2. 全面的数据分析: 采用主流的突变筛查算法, 搭配肿瘤或遗传病的基因突变鉴定流程, 全面筛查疾病相关的基因突变, 也提供专业的个性化分析
3. 领先的肿瘤外显子组分析: 针对肿瘤基因突变特征, 量身定制从实验到分析的方案, 快速定位肿瘤相关的突变基因, 深度挖掘数据的生物学意义
4. 可靠的样本处理能力: 成功处理过数万例多种类型的样本, 包括血液、组织、FFPE、拭子等

项目流程



样本准备



组组织, 白细胞, PBMC, 全血, FFPE, 拭子, 总DNA等。建议总DNA起始量: >1 μ g, 最低>200

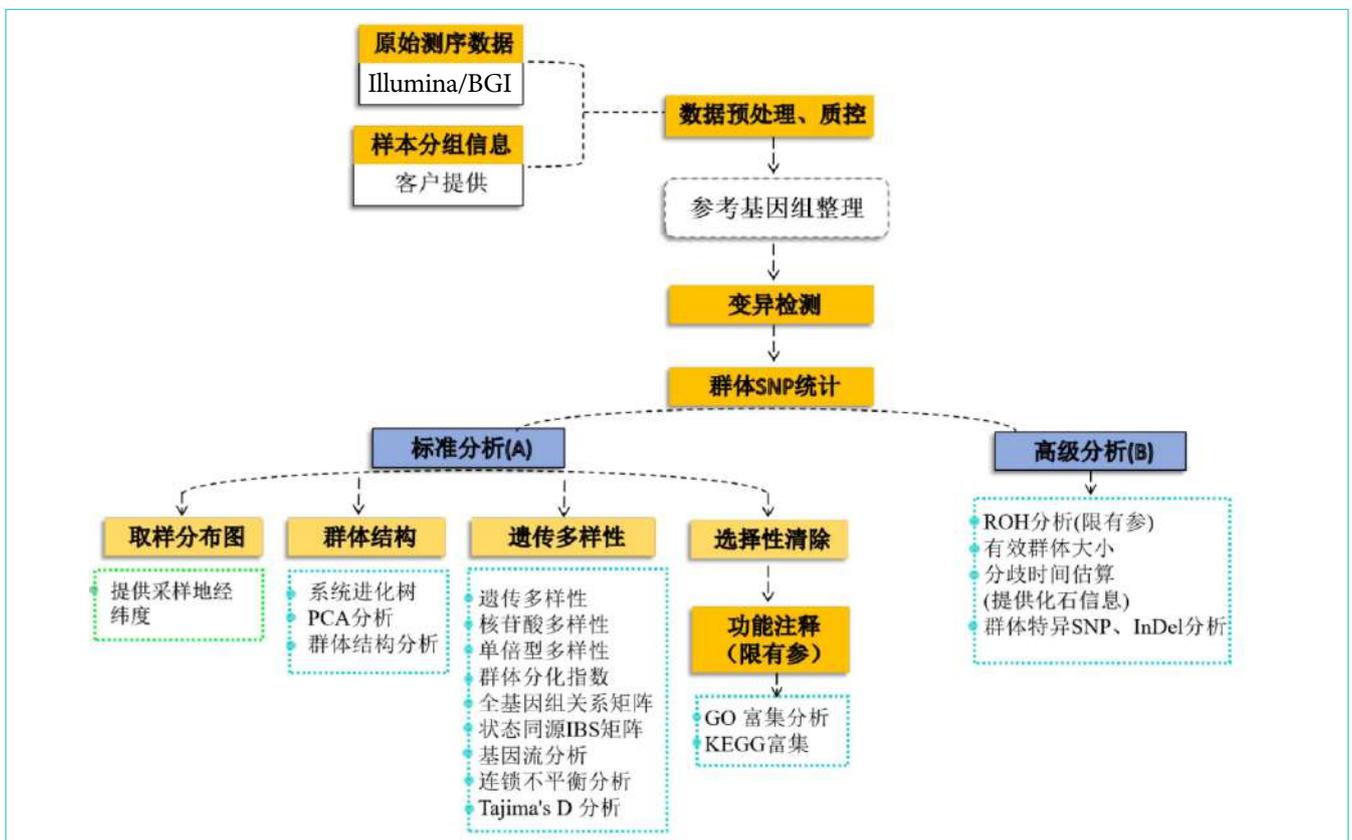
(具体细节请咨询我司技术人员)

3 动植物全基因组重测序

全基因组重测序是对已知基因组序列的物种进行DNA测序，并在此基础上完成个体或群体分析。全基因组重测序通过序列比对，可以检测到大量变异信息，包括单核苷酸多态性(SNP)、插入缺失(InDel)、结构变异(SV)和拷贝数变异(CNV)等。基于检测到的变异能进一步研究动植物的物种特性、群体进化问题、定位目标性状基因位点。

随着测序成本降低和已知基因组序列物种的增多，全基因组重测序已经成为动植物分子育种、群体进化中最为迅速有效的方法之一。利用全基因组重测序技术有助于快速发现与动植物重要性状相关的遗传变异，应用于分子育种中，缩短育种周期。

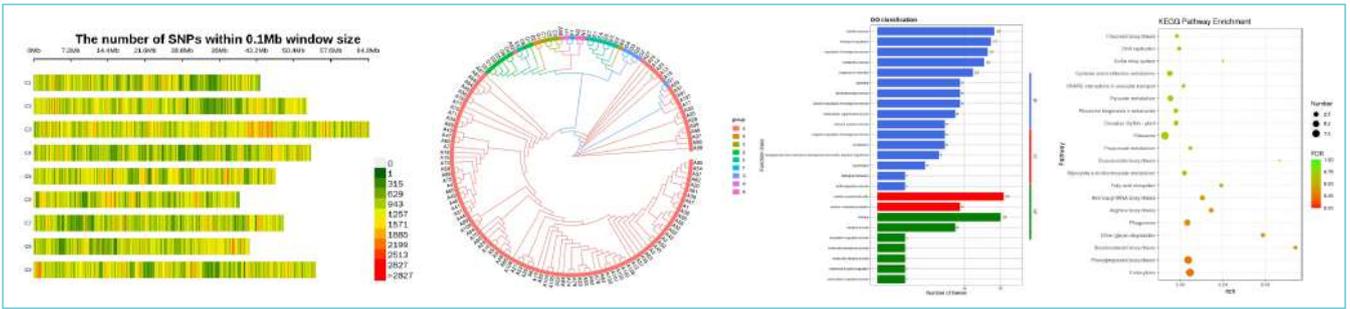
技术路线



产品优势

1. 技术简单，稳定性好。
2. 检测变异类型丰富：可以检测SNP、InDel、SV和CNV等多种变异类型，并可用作分子标记。
3. 高密度标记：能够检测到全基因组范围的SNP信息，同时可检测低频SNP。
4. 发现新的变异：与芯片方法相比较，可以检测到新的变异序列。
5. 高性价比：与全基因组从头测序相比，耗时更短，成本更低。

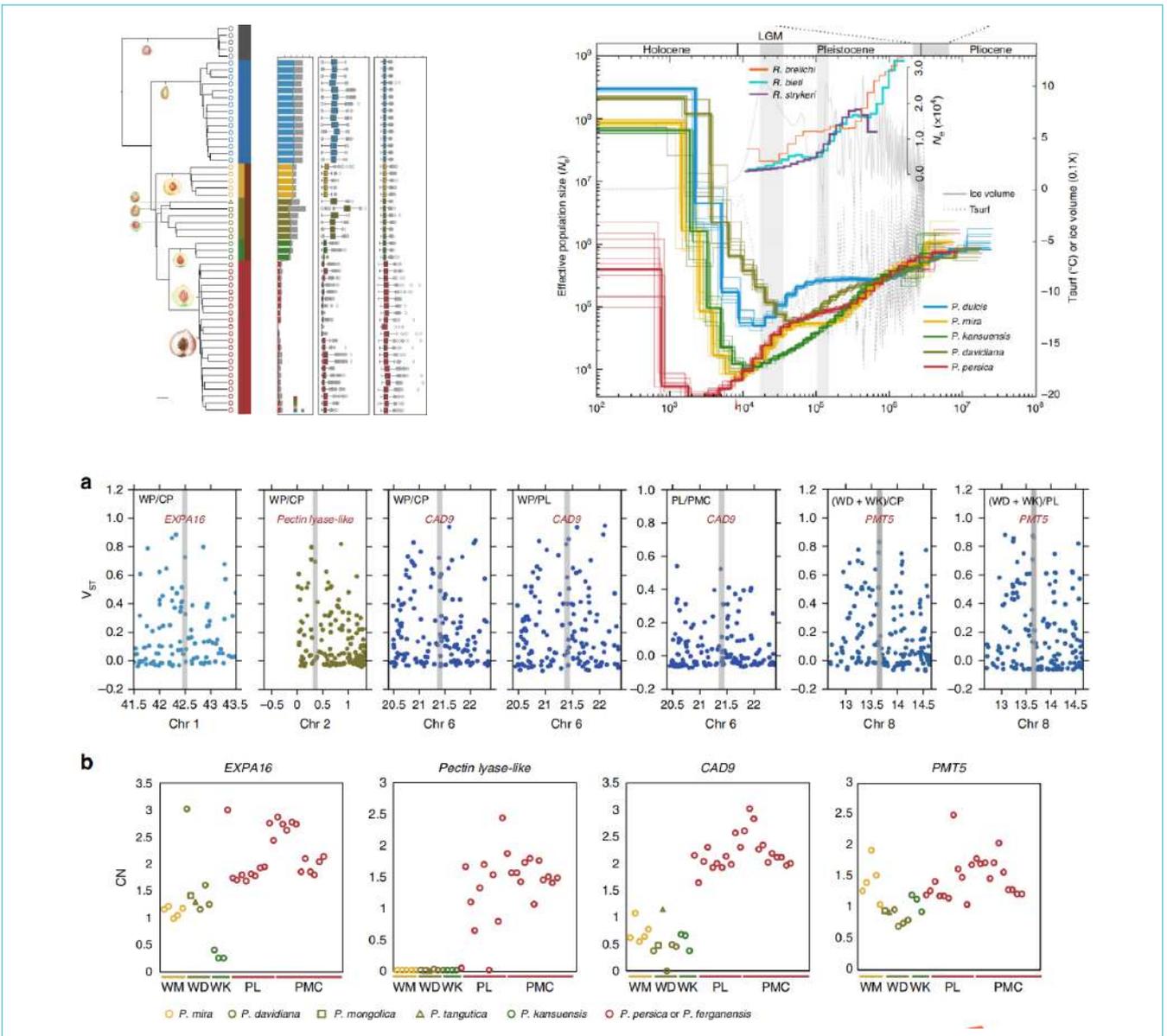
分析内容展示



案例解析

结合多学科研究，明确了栽培桃起源于我国西南部的历史，揭示了桃及其野生近缘种的演化与青藏高原隆升及地形环境变化密不可分。通过全基因组CNV和SNP变异，分析筛选基因组强选择区域及可食用性相关基因，阐明了果实大小和果皮颜色性状的阶段性演化历史。

21



4 细菌/真菌基因组测序

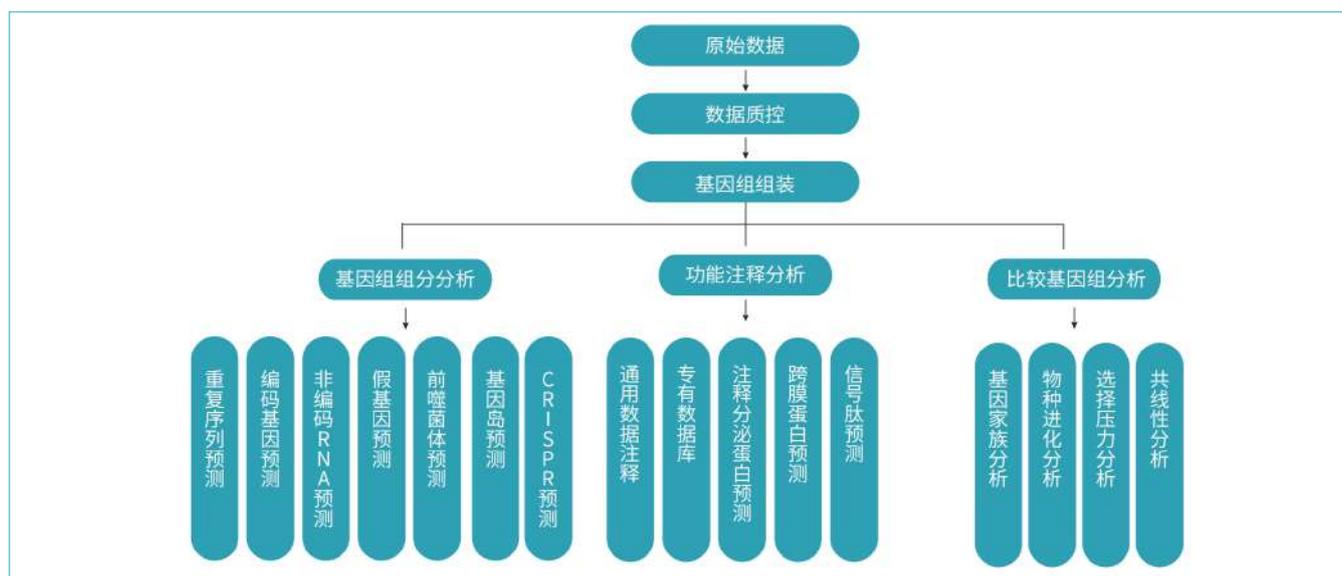
细菌/真菌全基因组测序，是指基于第二代高通量测序和第三代单分子实时测序技术，对细菌/真菌全基因组进行测序，利用生物信息分析手段，得到细菌/真菌的全基因组序列，解析编码信息和表观遗传修饰信息，并获得相应的变异信息。依据实验目的和待测样本与参考基因的序列相似性，可分为细菌/真菌全基因组(近)完成图测序、框架图测序和全基因组重测序。

细菌/真菌全基因组测序，可在致病性、耐药性、环境适应性、代谢途径等多角度进行功能基因的深入挖掘，对微生物不同的表型等特性进行深层次研究。

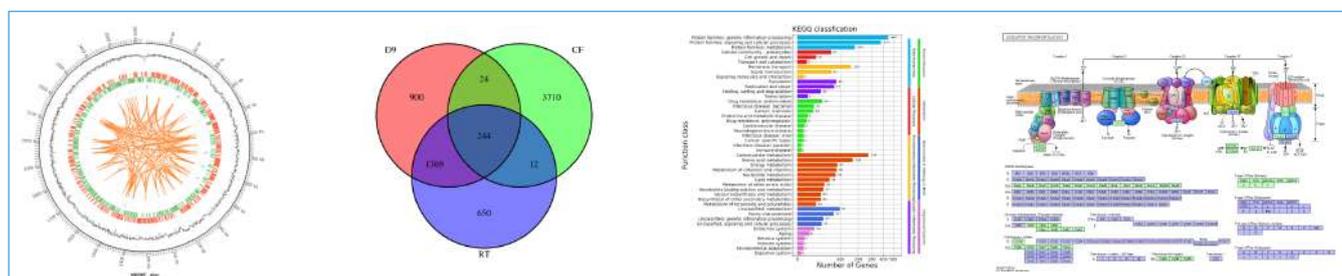
服务优势

1. 经验丰富，完成微生物基因组项目10000+
2. 多测序平台，提供多种测序方案
3. 专业的售后服务体系，经验丰富的微生物数据挖掘团队，省时、省心、省力

技术路线



分析内容展示



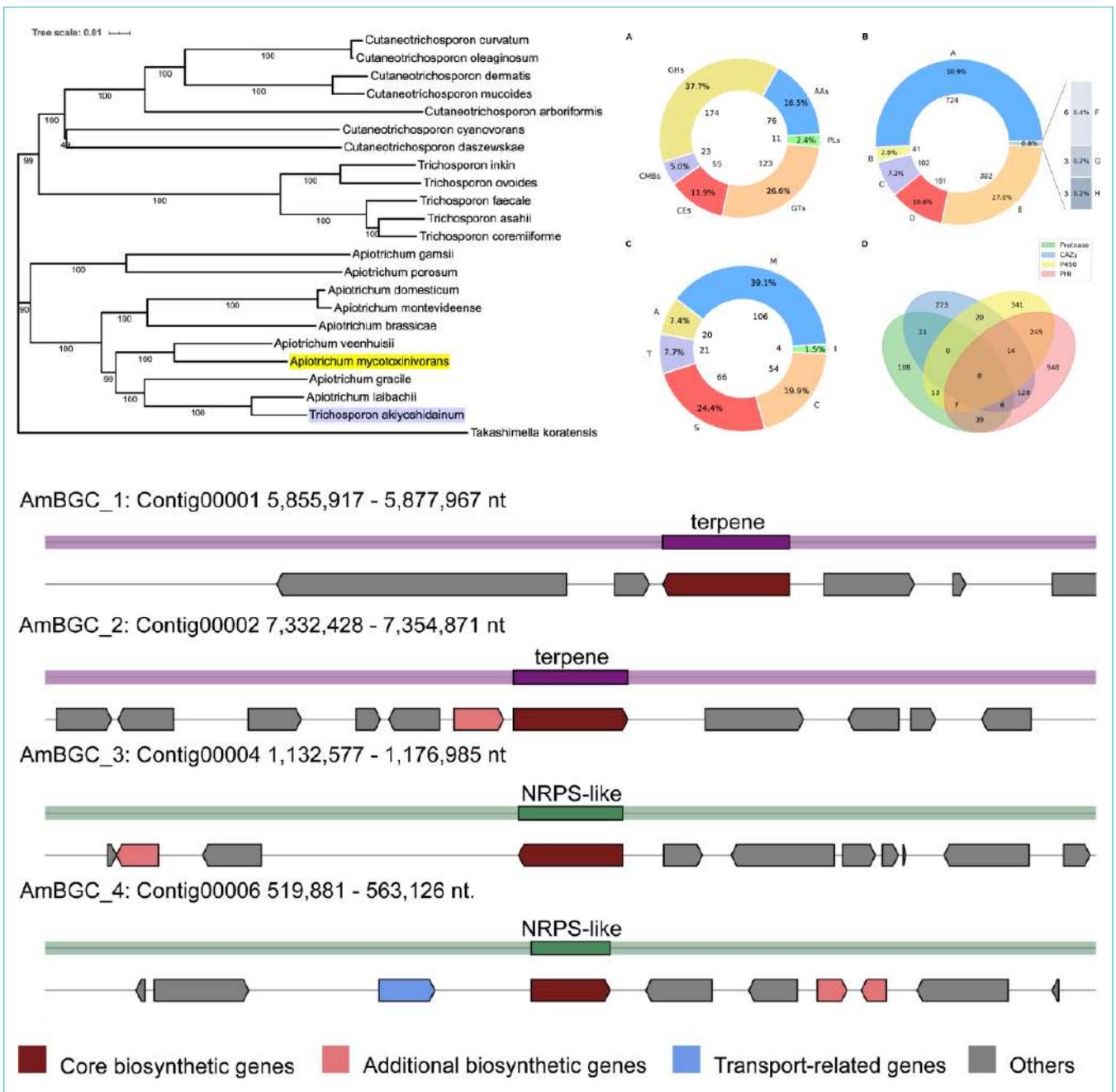
案例解析

研究背景

生物解毒技术已经发展成熟，利用微生物如细菌、酵母和真菌来消除霉菌毒素污染。然而，由于缺乏相关酶的分子细节，许多真菌毒素解毒的潜在机制仍不清楚。下一代测序技术提供了能够降解真菌毒素的微生物的大量基因组数据，使得利用生物信息学技术研究相关酶的分子细节成为可能。

研究结论

本研究进行了*Apiotrichum mycotoxinivorans*的全基因组测序，通过生物信息学分析得到了推定的Baeyer-Villiger单加氧酶(BVMOs)和用于玉米赤霉烯酮(ZEA)降解的羧基酯水解酶。我们开发了第一个用于底物特异性酶的基因组规模预测的流程，可建立同源的结构和分子对接模型来展示相关的降解酶作用。本研究中开发的酶预测工作流程处理GPSE，可能有助于加速新解毒酶的发现。



(具体细节请咨询我司技术人员)

04

表观组测序

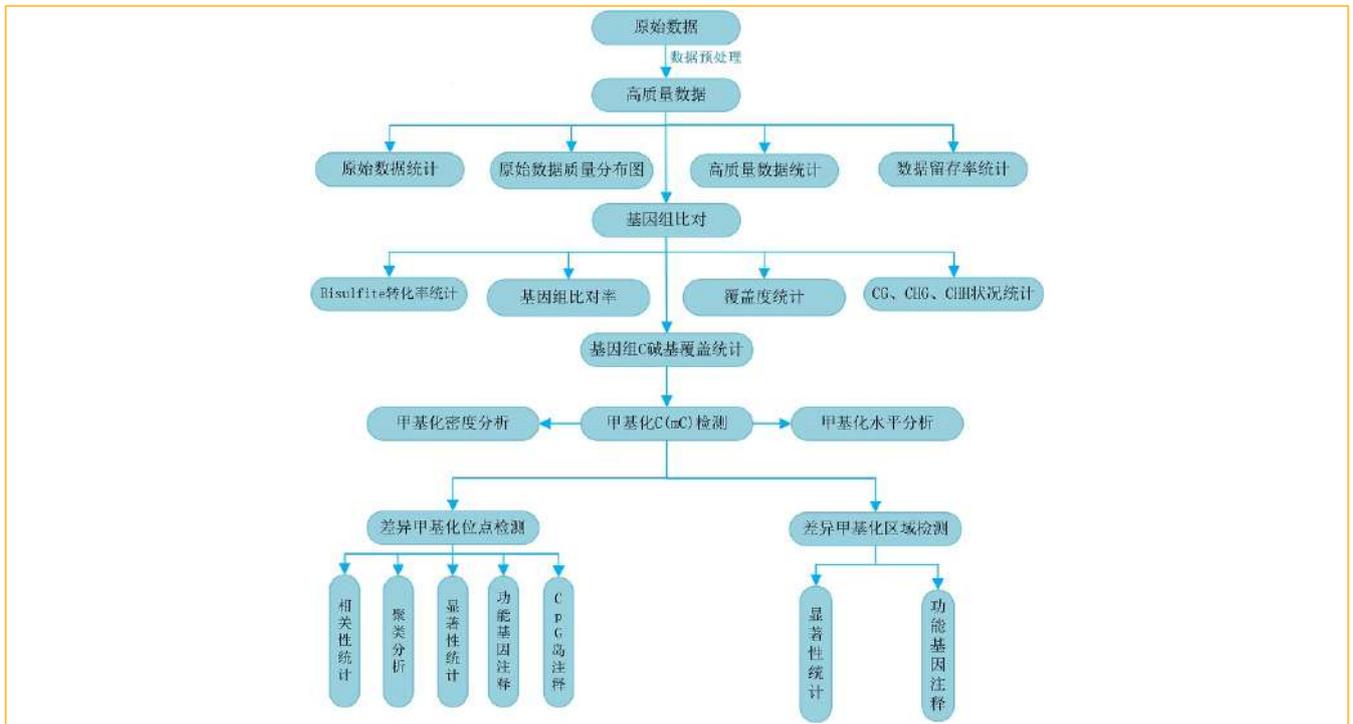
1 全基因组甲基化测序

DNA甲基化对生命活动非常重要，是基因调控的手段之一(即通过对位于启动子及第一外显子区的CpG岛的甲基化而抑制基因表达的表达式)，它在基因表达调控、肿瘤研究、染色质重塑、遗传印记、疾病研究、胚胎发育、环境与表观遗传和表观异质性等方面起至关重要的作用，是表现遗传学研究的热点。

方案设计

全基因组甲基化实验设计思路为差异比较，常见的类型为实验组与对照组，进行两两比较。通过重亚硫酸盐对基因组DNA进行处理，将未甲基化的C碱基转化为U碱基，而甲基化的C则不会改变，进行PCR扩增后U碱基会变成T，与原本具有甲基化修饰的C碱基区分开来。WGBS精密度高，可以精确得到单个碱基，获得单碱基精度生物甲基化图谱。建议设置3-6个生物学重复，以减少组内误差并增强结果的可靠性。

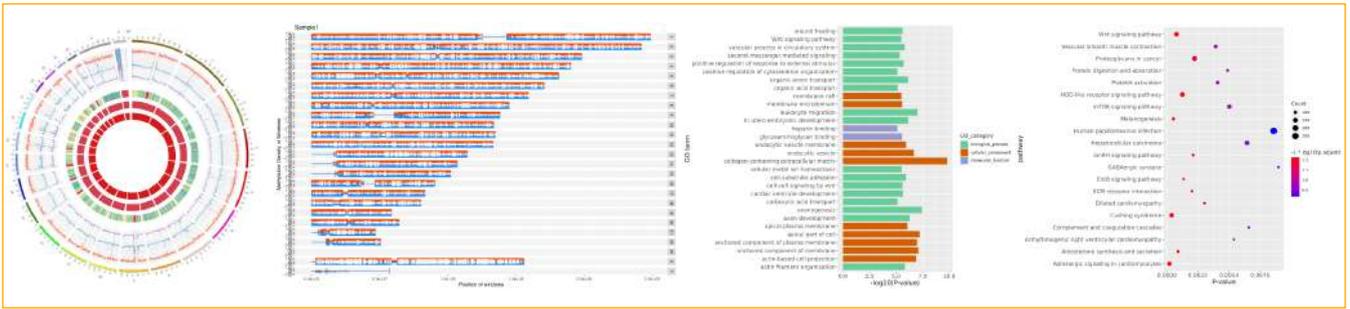
技术路线



分析内容

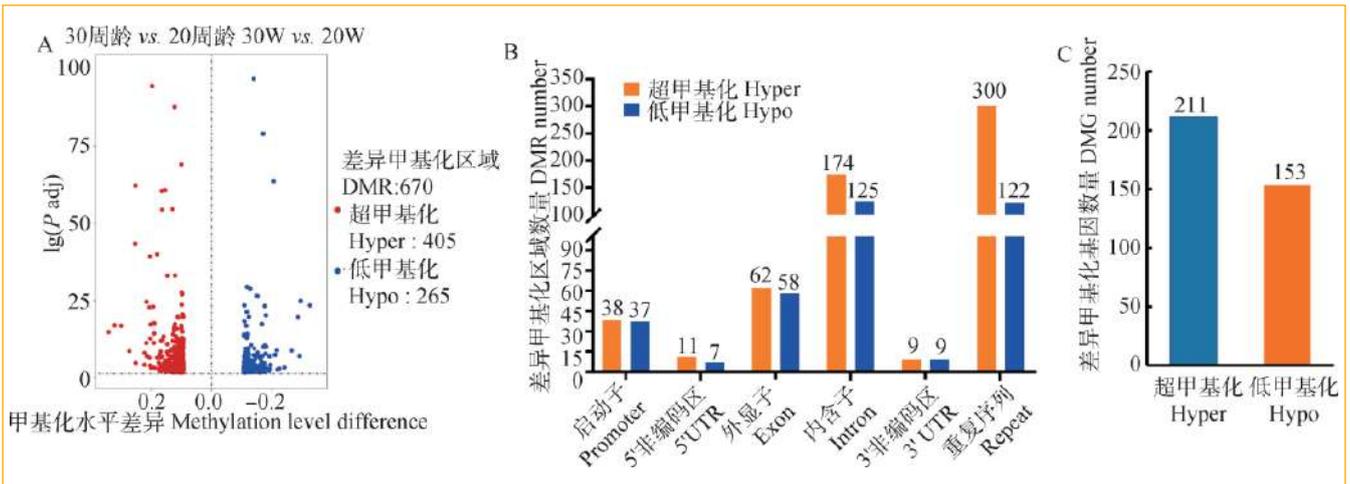
序号	分析项目	序号	分析项目
1	数据整理	10	C位点在各基因功能区域的甲基化水平分布
2	数据质控	11	相关性分析
3	高质量数据获取	12	Motif识别
4	Reads在染色体上的分布	13	差异甲基化启动子分析
5	基因组覆盖度分布	14	差异甲基化区域(DMR)分析
6	基因组覆盖度Circos图	15	差异甲基化区域(DMR)基因的功能富集分析
7	全基因组甲基化位点统计	16	差异甲基化区域(DMR)基因的KEGG富集分析
8	C位点甲基化水平统计和密度统计	17	差异甲基化区域(DMR)相关基因蛋白网络互作分析
9	染色体水平甲基化密度分布图		

分析内容展示



案例解析

通过对产蛋前期和高峰期鸡肝全基因组甲基化差异进行分析，解析基因组甲基化对不同发育阶段肝中基因表达差异的影响。本研究绘制了不同生理时期卢氏绿壳蛋鸡全基因组甲基化图谱，结合mRNA转录组数据阐述了DNA甲基化在基因表达方面的调控作用，并鉴定出了不同生理时期受甲基化调控的基因，为深入研究表观遗传调控在不同生理时期蛋鸡肝代谢中的作用机制提供参考。

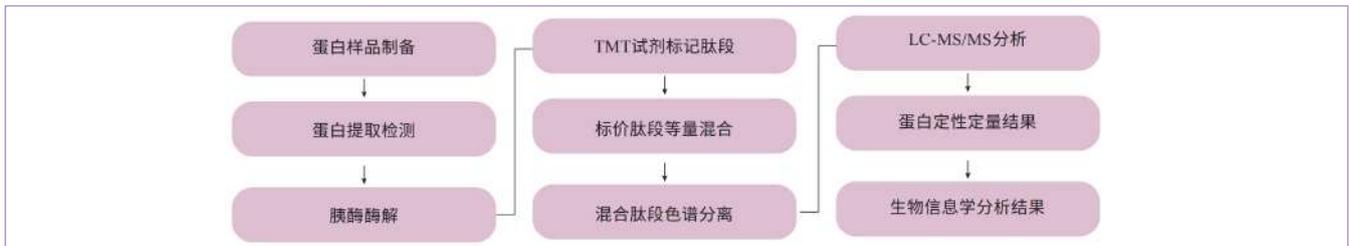


05

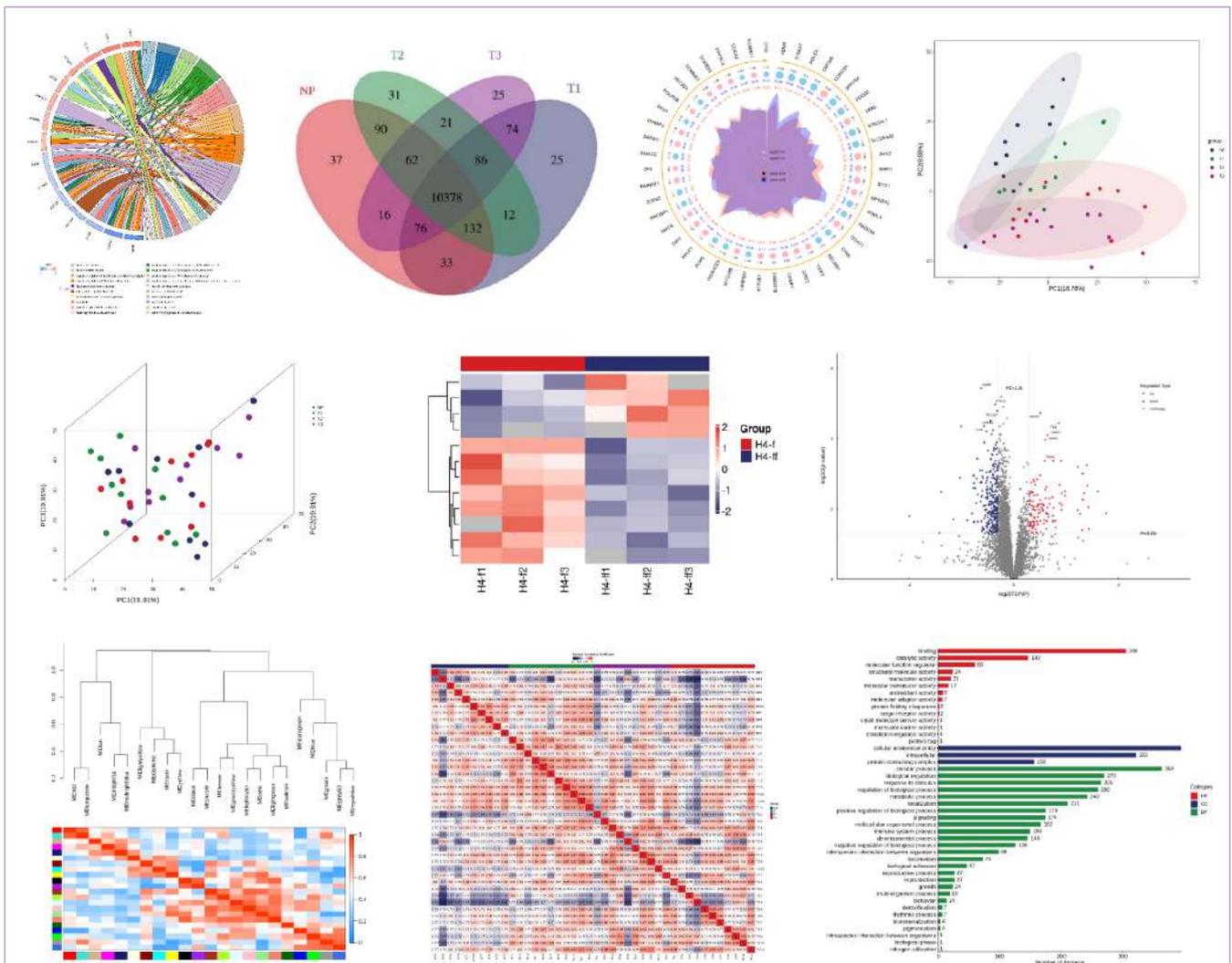
质谱分析

细胞内蛋白组丰度的动态变化对各种生命过程有重要影响。例如在许多疾病的发生和发展进程中，常常伴随着某些蛋白质的表达异常。定量蛋白质组学就是把一个基因组表达的全部蛋白质或一个复杂的混合体系中所有的蛋白质进行精确的定量和鉴定。目前定量蛋白质组学技术主要分为标记(TMT)、非标记(Label Free)、DIA定量策略。

技术路线



分析内容展示



(具体细节请咨询我司技术人员)

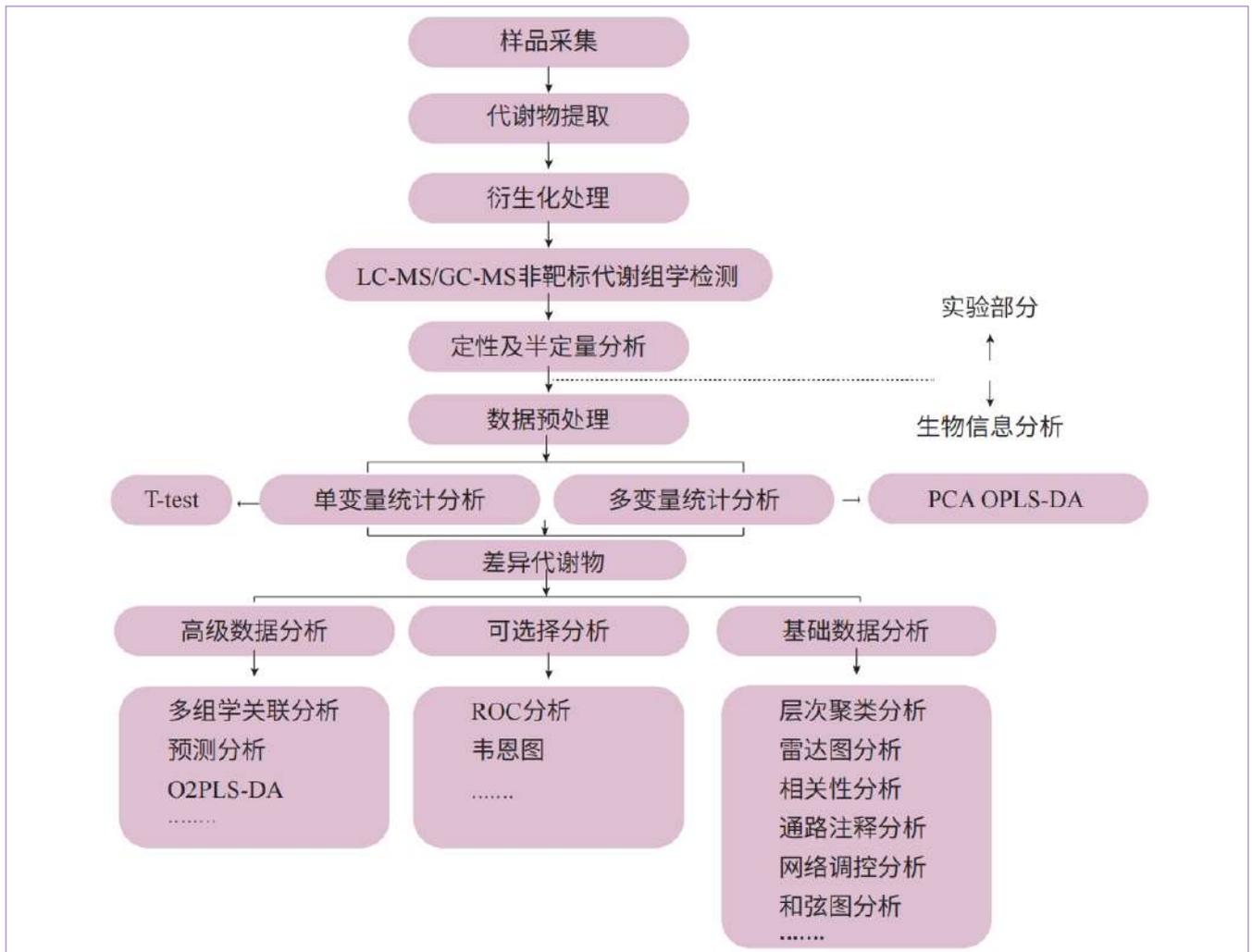
2 非靶向代谢组学

非靶向代谢组学(Untargeted metabolomics)是指采用LC-MS、GC-MS、NMR技术,无偏向性的检测细胞、组织、器官或者生物体内受到刺激或扰动前后所有小分子代谢物的动态变化,并通过生信分析筛选差异代谢物,对差异代谢物进行通路分析,揭示其变化的生理机制。

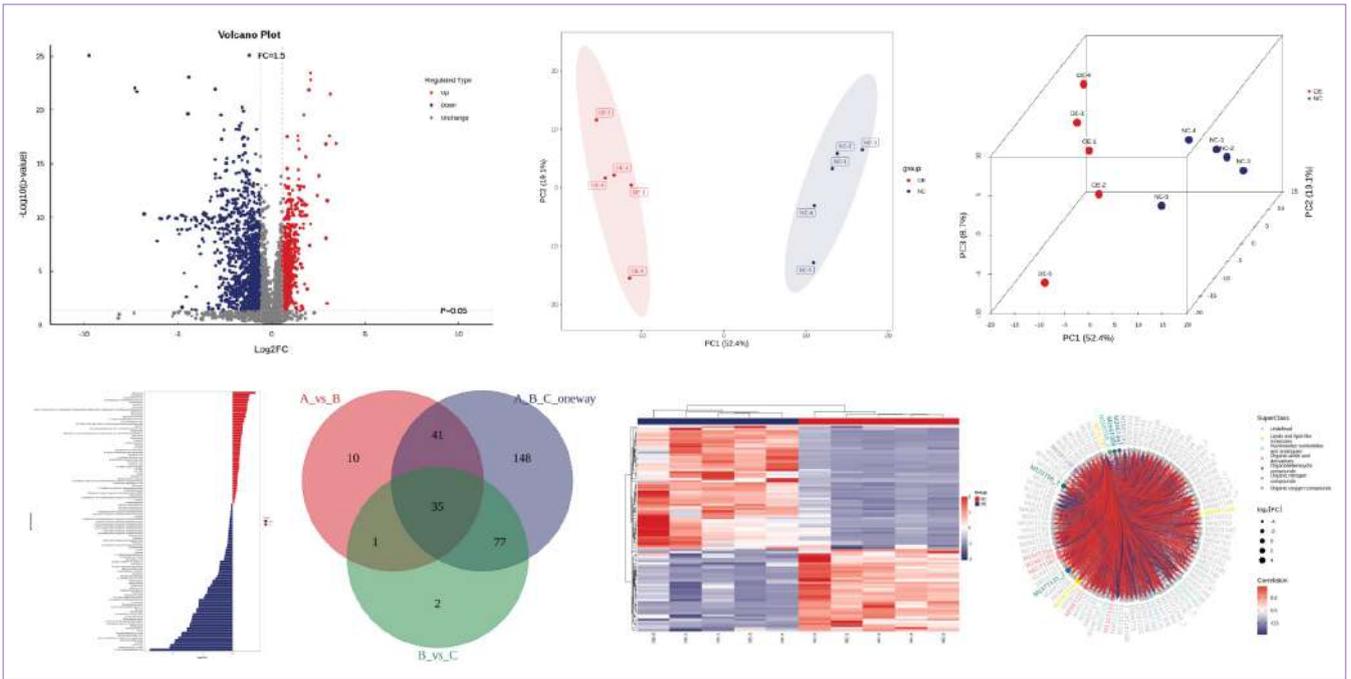
服务优势

- 1.完善的数据库:为每一个物种建立自有的数据库,专库专用
- 2.物质种类丰富:专业的公共数据库以及自建库,涵盖上万种物质
- 3.前处理稳定:各种类型样品(植物组织、液体组织、动物、食品、中药制剂)提取经验丰富
- 4.检测稳定:严格的质控指标
- 5.专业的数据分析:专业的数据处理和分析软件

技术路线



分析内容展示



(具体细节请咨询我司技术人员)

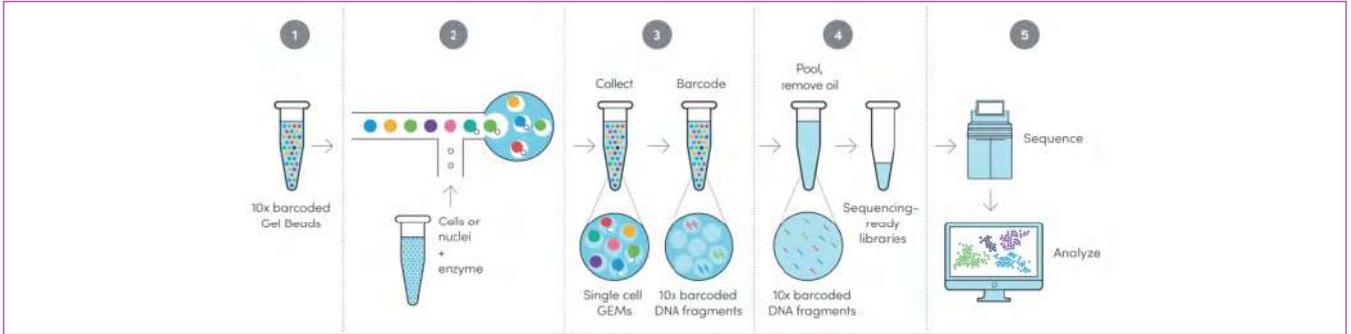
06

单细胞测序

1

单细胞转录组测序

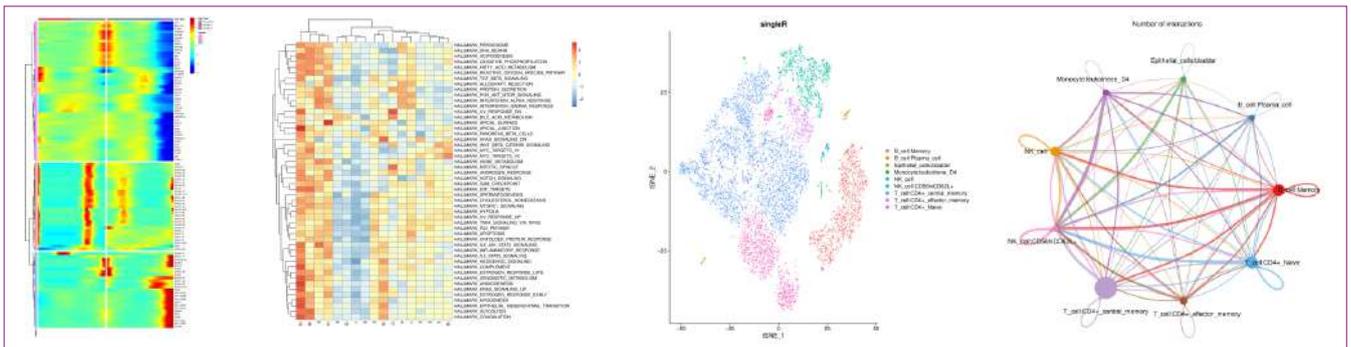
单细胞转录组测序(Single cell RNA sequencing, scRNA-seq)是在单细胞水平进行高通量基因表达谱检测，通过对大量的单细胞基因表达数据进行细胞表达特征聚类、亚群表达特征分析、标志物筛选等，能够对复杂细胞群深入分析，避免单个细胞的异质性生物学信息被大量喜欢的均质化覆盖，在生殖、免疫、干细胞分化、肿瘤异质性、神经系统发育及脑发育等研究领域中有广泛的应用。



分析路线



分析内容展示



(具体细节请咨询我司技术人员)

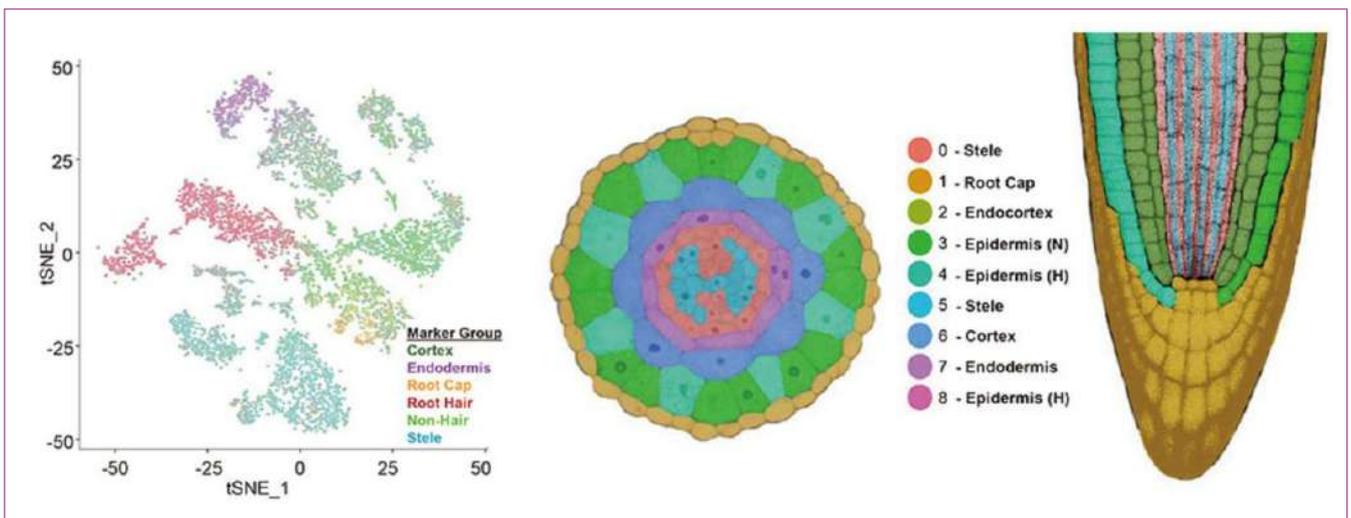
案例解析

研究背景

单细胞基因表达研究报告，到目前为止，植物的文章发表有限，尽管人们已经认识到植物中大规模单细胞转录组研究的潜在益处，本文基于10X Genomics chromium平台，分析了拟南芥根部约10,000个细胞(原生质体)的转录组数。

研究结论

基于10X Genomics chromium平台，分析了拟南芥根部约10,000个细胞(原生质体)的转录组数据，从中发现了主要的组织类型以及发育不同阶段的细胞，此外还鉴定出较为稀有的细胞亚群；在此基础上，该研究重点分析了根部表皮细胞，基于拟时分析展示了分生组织发育过程中hair细胞与non-hair细胞的分化轨迹。



(具体细节请咨询我司技术人员)

访问我们的官网：www.generalbiol.com，了解更多信息.....

科技创新 为生命赋能

通用生物（安徽）股份有限公司

地址：安徽省滁州经济技术开发区祈福寺西路69号

订购电话：0550-3121666转8866

订购邮箱：ngs-service@generalbiol.com



公众号



视频号